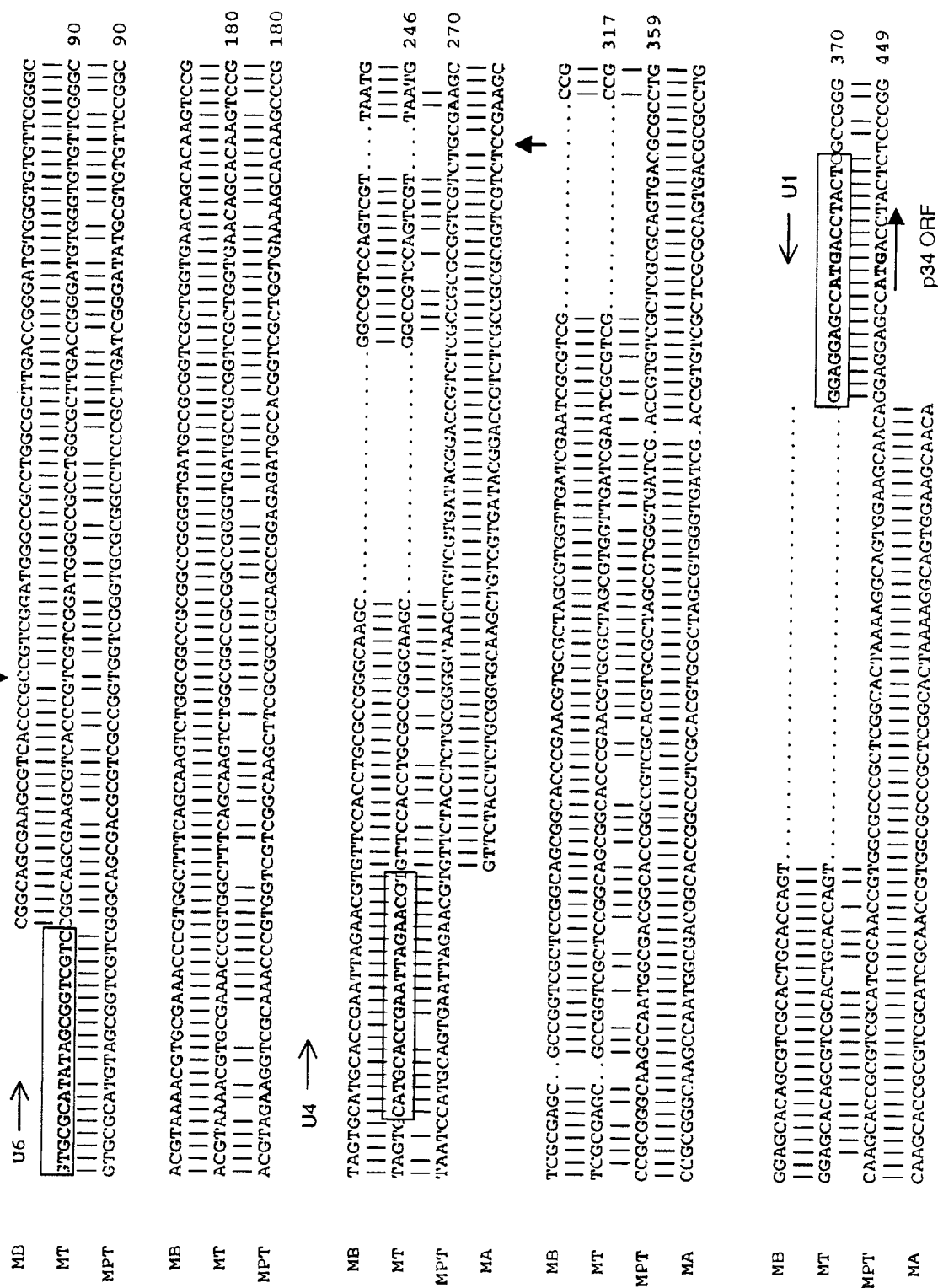
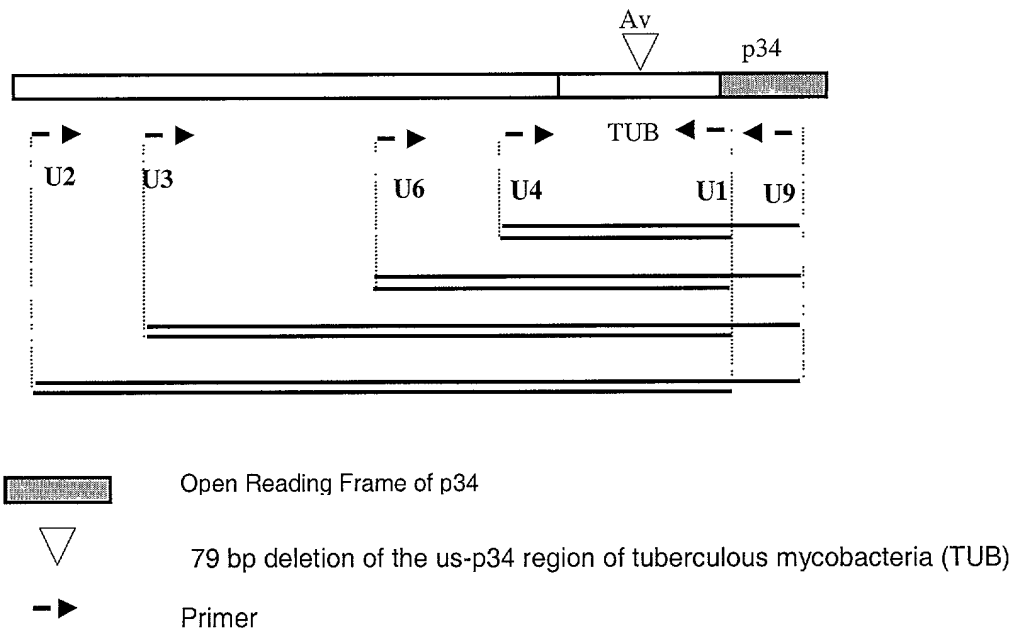


Figure 1.



**Figure 2. Amplifications of us-p34 regions with primers U1, U2, U3, U4, U6 and U9.**



### Figure 3. New us-p34 sequences (5' to 3')

Primers used to obtain the sequence (either U2-U1 ; U3-U1 ; U4-U1 ; U2-U9 ; U3-U9 or U4-U9) and the amplicon size are as indicated. Sequence variations (point mutations) found in the same species (for instances *M. ulcerans*) are also indicated when known.

#### *M. intracellulare* U4-U1 Length: 216 (SEQ ID NO 57)

```

1   GTTCTACCTG TGCTGAGCAA GCTCCGGTGA TACCGACCGT CTCGCCGAG
51  GGCCGCCGGG GGCCTCGCCG CCCAAGACAG TGGCGGCGCC ACCGGTTCCC
101 GCACGTGCGC TAGCGTGGGT GATCGACCGC GTCGCAATGC GGTGACGCGC
151 CTGCAAGCAC AGCGTCGCAT CGCCACCGCG GCGCCCGCTC GGCACCTAAA
201 GGCAC TGGTA GCAACA

```

#### *M. avium* U2-U9 Length: 881 (SEQ ID NO 58)

Underlined, the mutated nucleotide which allows to differentiate *M. avium* from *M. paratuberculosis*.

```

1   TCGTAGCTGG CTTCTCGTC GGTCCACAGC GCCCGCATCG CTTCCAGGTA
51  TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GCCGGCCCGC CGGCACGCCG TGGTCGGCGA
101 GTTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACGC CGAGGCTGAC CCGGCCGCCG
151 GACAGATGGT CAAGGGTGGC AATACTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG
201 TTCGACCGGC AGGGCCACCG CGGTGGACAG CCGCACCCGC GAGGTGACGG
251 CACAGGCCGC GCCCAGACTG ACCCACGGGT CCAGGGTGCG CATGTAGCGG
301 TCGTCGGGCA GCGACGCGTC GCCGGTGCTC GGGTGCGCGG CCTCCCGCTT
351 GATCGGGATA TCGTGTGTT CCGGCACGTA GAAGGTCGCA AACCCGTGGT
401 CGTCGGCAAG CTTCGCGGCC GCAGCCGGAG AGATGCCACG GTCGCTGGTG
451 AAAAGCACAA GCCCGTAATC CATGCAGTGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC
501 TGCGGGGCAA GCTGTCGTGA TACGGACCGT CTCGCCGCGC GGTGCTCTCC
551 GAAGCCCGCG GGCAAGCCAA TGGCGACGGC ACCGGCCGTC GCACGTGCGC
601 TAGCGTGGGT GATCGACCGT GTCGCTCGCG CAGTGACGCG CCTGCAAGCA
651 CCGCGTCGCA TCGCAACCGT GCGCGCCGCT CGGCACTAAA AGGCAGTGGA
701 AGCAACAGGA GGAGCCATGA CCTACTCTCC CGGCAGCCCC GGATATCCAC
751 CGGCGCAGTC TGGCGGCACC TATGCAGGCG CCACACCATC TTTCGCCAAA
801 GACGACGACG GCAAGAGCAA ACTCCCCTC TACCTCAACA TCGCCGTGGT
851 CGCCCTGGGT TTCGCGGCCT ACCTGCTGAA T

```

#### *M. gastri* U3-U1 Length: 642 (SEQ ID NO 59)

1 GTGCGCCGGC GCGCCGGCGG CACGCCATGG TCGGCGAGTT CGTGCGCCCG  
51 GCGGCACGCC ATGGTCGGCG AGTTCGTCGG TGTTCAGCC GAATCCGACG

Figure 3-continued

101 CCGACGCTGA CCCGGCCCCC GGATAGTGGT CCAGCGTGGC AATGCTTTTG  
151 GCCAGCGTGA TCGGGTCATG CTCCACCGCA GCGCAACCGC GGTGACAGC  
201 CTGACTCGGG AGGTGACCGC TGAAGCCGCA CCCAAGCTCA CCCACGGGTC  
251 CAGGGTGCGC ATATAGCGGT CGTCCGGCAG CGACGCGTCA CCCGTCGTGG  
301 GATGGGCGGC TTCCCGTTTG ACCGGGATAT GCGTGTGTTC GGGCACGTAG  
351 AGAGTGCGAA AGCCATGGTC GTCGGCCAGT TTCGCGGCTG CCGCCGGGGA  
401 GATCCACCGG TCGCTGGTGA AAAGGACAAG CCCGTAATCC ATGAACAGAA  
451 TTAGAACGTG TTCTACCTCC GCCGGGCAAG CGGCTCATCT GCCGATCGGC  
501 AGCGGTGCCG GGGCCGGTAT CGCGGGCGGC AAGGTCGCCA CGGCGTGAGT  
551 ACCCGGCCGT GCGCTAGCGT GGGTCATCGA ATTGTGTGCG AGGGAGCAAT  
601 CGTCGCATTG CAGCAGGCGT AGCGACGGCA CCGGAGGTAA CA

*M. gordonae* U3-U9 Length: 745 (SEQ ID NO 60)

1 GTGCGACGAC GGCCGGCCAG CACGTTATGG TCGGCGAGCT CGTCGGTGTG  
51 CCAGCCGAAC CCGACGCCGA GGCTAACTCG CCCGCCGGAC AGGTGATCCA  
101 GCGTGCGCAT GCTTTTCGCC AAGGTGATCG GGTGATGCTC GACCGGCAAC  
151 GCGACTGCCG TCGACAGCCG CACCCGCGAC GTCACAGCAC ACGCCGCGCC  
201 CAGGCTCACC CAGGGATCCA GGGTGCGCAT ATAACGGTCG TCGGGCAGCG  
251 TCTCGTCTCC GGTGGTGGGA TGAGCCGCTT CGCGTTTGAT CGGGATATGC  
301 GTGTGTTTCG GTACGTAGAA GGTGTGAAAA CCATGTGTGT CGGCAAGTTT  
351 CGCTGCTGCC GCAGGGGAAA TACCGCGATC GCTGGTGAAC AGAACGAGGC  
401 TGTAAGTCCAT GCCCAATTT AGAACGTGTT CTACTTTTGG CCGCAGCCGA  
451 CCCCCTGCGG CGACGGGCAC TAGTTGTCAG AGGTGCGCTA GCGTGGTTGA  
501 TCGAATGCGT CGCAGGCCGT ACCGCGTCGT GCCGAAGCAG AGGGGCCGTG  
551 ACGGCACCGG AAGCAACAGG AGGACTTATG ACCTACCCGC CCGGTAGTCC  
601 CGGATATCCA TCCGCCCAGC AGTCGGCCGG CAACTACGGC AGCTCCGCTC  
651 CCGCCGCCGG CCAGTCCGAG CCGGGTGAAA GCAAGCTGGG ACTGTACCTG  
701 GCCATCGCGG TGGCGGCCCT GGGCCTACTG GCGTACCTCT TCAGC

*M. kansasii* U3-U9 Length: 785 (SEQ ID NO 61)

1 GTGCGCCGGC GCGCCGGCGG CACGCCATGG TCAGCGAGTT CGTCGGTGTG  
51 CCAGCCGAAT CCGACGCCGA CGCTGACCCG CCCCCCGGAT AGGTGGTCCA

101 GCGTGGCAAT GCTTTTGGCC AGCGTGATCG GGTTCATGCTC GACCGGCAAC  
 151 GCAACCGCTG TTGACAGTCG GACCCGGAAG GTGACCGCTG AAGCCGCGCC  
 201 CAAACTCACC CACGGGTCCA GCGTGCGCAT ATAGCGGTCG TCCGGCAGCG  
 251 ACGCGTCACC CGTCGTGGGA TGGCGGCCTC CCGTTTGACC GGGATGTGCC  
 301 TGTGTTGCGG CACGTAGAAA GTGCGAAAGC CATGGTCGTC GGCCAGTTTC  
 351 GCGGCTGCCG CGGGAGAAAT GCCACGGTCG CTGGTGAAAA GGACAAGCCC

**Figure 3-continued**

401 GTAATCCATG AACAGAATTA GAACGTGTTC TACCTCAGCC GGGCAAGCGG  
 451 CTCATCCGCC GATCGTCGGC AGTGGTGACG GGGCCGGTAT CACGGGGGCA  
 501 AGGTGCGCAC GGC CGAGTA CCAGGCCGTG CGCTAGCGTG GGTTCATCGAA  
 551 TCGTGTCGCA GGGAGCAATC GTCGCATTGC AGCAGGCGTA GCGACGGCAC  
 601 TGGAGGTAAC AGGAGGAGCC ATGACCTACT CACCAGGTAG TCCCGGATAT  
 651 CCGCCCGCGC AATCGGCCGG CTCCTACGGA GCCGCCACAC CGTCTTTTCGC  
 701 CAAGGCCGAC GACGGTGTCA GCAAGCTTCC GATGTACCTG AGCATGGCGG  
 751 TTGCCGCGCT CGGGCTGCTG GCGTATCTGG CCAGC

*M. malmoense* U2-U1 Length: 741 (SEQ ID NO 62)

1 TCGTAGGCCG CTTCTCCTG GGTCCACAGC GCCCGCATTG CCTCGATGTA  
 51 TTCACGCAGC ATGGTGCGAC GGC GCCCGG CGGCACGCCG TGGTCGGCGA  
 101 GTCGTCGGT GTTCCAGCCA AACCCAACGC CGAGGCTGAC CCGGCCGCCG  
 151 GACAGGTGGT CCAAGGTGGC AATACTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG  
 201 CTCGACGGGC AGCGCCACCG CGGTAGACAG CCGCACCCGC GACGTCACGG  
 251 CGCACGCCGC GCCCAGGCTC ACCCACGGGT CTAGCGTGCG CATATAGCGG  
 301 TCGTCCGGCA AGCGACGCGC CACCCGTCGT CGGATGGGCC GCCTCGCGCT  
 351 TGACCCGGAT ATGGGTGTGT TCCGGCACGT AGAACGTCTG GAAGCCGTGG  
 401 TCGTCGGCAA GTTTGGCGGC TGCCGCCGGG GAGATGCCGC GGTGCTGGT  
 451 GAAAAGTACA AGCCCGTAAT CCATGGACAG AATTAGAACG TGTTCTACCG  
 501 GCGGTGGGCA AGCCGCTGCG CCGCCGAGGA TCTCGACTCG GACCCACAAC  
 551 ACTGGTCGGC GCCGGGCGCG CCGACAGGTC GGTGCGCCCG GCACGGGCGG  
 601 CCGAACGTGC GCTAGCGTGG GTGATCGATC GCGTCGCAAC GCAAGATCTC  
 701 ATGCGGCGTC GCTGAGGGTC TTGAAGGCAC TGAAGCAAT A

*M. simiae* U2-U1 Length: 748 (SEQ ID NO 63)

1 TCGTATTGGG CTTCTTCCTG CGTCCACAGC GCCCGCATGG CTTCCAGGTA  
 51 CTCGCGCAGC ATGGTCCGCC GGC GCCCGG CGGCACGTTG TGGTCGGCCA

101 GTTCGTCGGT GTTCCAACCG AACCCGACGC CCACACTGAC CCGTCCGCCC  
 151 GACAGATGGT CCAGGGTGGC GATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG  
 201 CTCGACGGGC AGCGCGACCG CGGTGGACAG TCGCACCCGC GAGGTGACCG  
 251 CGCACGCCGC GCCCAGACTG ACCCACGGGT CCAGCGTGCG CATGTAGCGG  
 301 TCGTCGGGCA GCGATTCTGC GCCCGTCGTG GGATGGGCCG CCTCGCGCTT  
 351 GATCGGGATG TGAGTGTGTT CTGGCACGTA GAACGTTGTG AAGCCATGGT  
 401 CGTCGGCGAG TTTGGCCGCG GCCGCCGGG CGATGCCCCG ATCACTGGTG  
 451 AAAAGCACGA GCCCGTAATC CATGCACAGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC  
 501 TGTGGAGCAA GCGGCCCCCG CTACGTCGAC CCGCAGACGG GCCGCTGAGA

Figure 3-continued

551 CGATCGCTCC TGGTCGCGCC TAGGGGCCGG TCGCTCCCGC GCACCCGCTC  
 601 GAACGTGCGC TAGCGTGGTT GATCGGTCGC GCGTAACGCA AACGCGGGCA  
 701 AGCAGTGACG TCGCGCCCGA CGAGGTCTTG AAGGCACTGG AAGCAACA

*M. szulgai* U3-U9 Length: 712 (SEQ ID NO 64)

1 GTGCGGCGGC GCCCGGCCGG GACGCCGTGA TCAGCGAGCT CGTCGGTATT  
 51 CCAGCCGAAG CCGACGCCGA GGCTGACCCG GCTGCCGGAC AGATGATCCA  
 101 GCGTGGAAT GCTTTTGGCC AGCGTGATCG GATCATGCTC GACCGGCAGC  
 151 GCCACGCGG TGGACAACCG GACCCGAGAC GTCACCGCGG CCGCAGCACC  
 201 CAAACTCACC CACGGGTCCA GCGTGCGCAT GTAGCGGTCA TCGGGCAGCG  
 251 ACGCGTCACT CGTAGTGGA TGGGCAGCCT CCCGCTTGAT CGGGATGTGG  
 301 GTGTGTTTCA GCACGTAGAA CGTCTGAAA CCGTGGTCGT CGGCCAGCTT  
 351 TGCGGCCGCC GCCGGGGCAA TGCCGCGATC GCTGGTGAAA AGTACAAGCC  
 401 CGTAATCCAT GCACCGAATT AGAACGTGTT CTACCTGCGA TGAGCAAGCG  
 451 GCCCGGTCGG CCGACGAGCA GGTGCGCCCG GCGCGACCAG CAGAACGTGC  
 501 GCTAGCGTGG TTGATCGAGT CGCGCACC GG AAAGCAACCG GAAGTAATCA  
 551 GGAGGAGCCA TGACCTACTC GACCGGCAGC CCCGGATATC CGCCTGCGCA  
 601 GCAGCCCGGG GGGTCGTACG GCGGCGCCAC TCCTGGTGAC GCTCAGAGCA  
 651 AGCTTCCGCT GTACCTCAGC ATGGCGGTGG CCGCCCTCGG CCTGGCCGCG  
 701 TATCTCGCCA GC

*M. tuberculosis* U2-U9 Length: 802 (SEQ ID NO 65)

1 TCATAGCAGG CCTCCTCTTG GGTCCACAAC GCCCGCATCG CCTCGAGGTA  
 51 TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GCGTCCGGG TGGCACACCA TGATCGACGA  
 101 GCTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACCC CGACGCTGAC CCGGCCGTGC  
 151 GACAAATGAT CCAGCGTCGC AATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGATCATG  
 201 CTCGACCGGC AGCGCCACCG CGGTGGCAAG CCGGATCCGC GACGTCACCG

```

251  CCGATGCTGC TCCCAGGCTC ACCCACGGGT CCAACGTGCG CATATAGCGG
301  TCGTCCGGCA GCGAAGCGTC ACCCGTCGTC GGATGGGCCG CCTGGCGCTT
351  GACCGGGATG TGGGTGTGTT CGGGCACGTA AAACGTGCGA AACCCGTGGC
401  TTTCAGCAAG TCTGGCGGCC GCGGCCGGGG TGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451  AACAGCACAA GTCCGTAGTG CATGCACCGA ATTAGAACGT GTTCCACCTG
501  CGCCGGGCAA GCGGCCGTCC AGTCGTTAAT GTCGCGAGCG CCGGTCGCTC
551  CGGCAGCGGC ACCCGAACGT GCGCTAGCGT GGTGATCGA ATCGCGTCGC
601  CGGGAGCACA GCGTCGCACT GCACCACTGG AGGAGCCATG ACCTACTCGC
651  CGGGTAACCC CGGATACCCG CAAGCGCAGC CCGCAGGCTC CTACGGAGGC
701  GTCACACCTT CGTTCGCCCA CGCCGATGAG GGTGCGAGCA AGCTACCGAT
751  GTACCTGAAC ATCGCGGTGG CAGTGCTCGG CCTGGCTGCG TACTTCGCCA
801  GC

```

### Figure 3-continued

*M. bovis* U2-U1 Length: 628 (SEQ ID NO 66)

In this sequence, there is a mutation (as underlined) compared with the sequence of *M. tuberculosis*.

```

1   TCATAGCAGG CCTCTCTTG GGTCCACAAC GCCCGCATCG CCTCGAGGTA
51  TTCGCGCAGC ATGGTGCCGGC GCGTCCGGG TGGCACACCA TGATCGACGA
101 GCTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACCC CGACGCTGAC CCGGCCGTGC
151 GACAAATGAT CCAGCGTCGC AATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGATCATG
201 CTCGACCGGC AGCGCCACCG CCGTGGCAAG CCGGATCCGC GACGTCACCG
251 CCGATGCTGC TCCCAGGCTC ACCCACGGGT CCAACGTGCG CATATAGCGG
301 TCGTCCGGCA GCGAAGCGTC ACCCGCGTC GGATGGGCCG CCTGGCGCTT
351 GACCGGGATG TGGGTGTGTT CGGGCACGTA AAACGTGCGA AACCCGTGGC
401 TTTCAGCAAG TCTGGCGGCC GCGGCCGGGG TGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451 AACAGCACAA GTCCGTAGTG CATGCACCGA ATTAGAACGT GTTCCACCTG
501 CGCCGGGCAA GCGGCCGTCC AGTCGTTAAT GTCGCGAGCG CCGGTCGCTC
551 CGGCAGCGGC ACCCGAACGT GCGCTAGCGT GGTGATCGA ATCGCGTCGC
601 CGGGAGCACA GCGTCGCACT GCACCACT

```

*M. xenopi* U4-U9 Length: 400 (SEQ ID NO 67)

```

1   GTTCACCCAC CGCGAGCAAG CGGCGCCGGT AGAAGCTGCG ATGACACGCC
51  AGTCGCCCGC AGACCCCCGC CGCCAGGTGC GCTAGCGTGG ATGGTCCAAT
101 CGCGTCGCAA CGCCTGCCCT GACAAGTCAC GGCGTTAATG GAGCGGTCCA
151 CGCAGCGTCG CGCGGAAGCG GCGCCCTGGG GATACAGCGT CGCAACACAG

```

201 TGGCGCCCCA ACGGCACTGA TGCACAGGAG AAGCCATGAC GTACTCGCCC  
 251 GGTAGCCCCG GATATCCACC CGCGCAGTCC CCCGGTTCCT ACGGCGGCTC  
 301 CCCACAGTCG TTCGCCAAAT CCGATGACGG CGCCAGCAAG CTGCAGCTGT  
 351 ATCTGACCGT CGCGGTGGTG GCGCTCGGCC TGGCGGCCTA CCTGGCGAGT

*M. paratuberculosis* U2-U1 Length: 707 (SEQ ID NO 68)

Underlined, the mutated nucleotidic base which allows to differentiate *M. Avium* from *M. Paratuberculosis*.

1 TCGTAGCTGG CTTCTCGTC GGTCCACAGC GCCCGCATCG CTTCCAGGTA  
 51 TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GCCGGCCCGC CGGCACGCCG TGGTCGGCGA  
 101 GTTCGTGCGT GTTCCAGCCG AACCCGACGC CGAGGCTGAC CCGGCCGCCG  
 151 GACAGATGGT CAAGGGTGGC AATACTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG

### Figure 3-continued

201 TTCGACCGGC AGGGCCACCG CGGTGGACAG CCGCACCCGC GAGGTGACGG  
 251 CACAGGCCGC GCCCAGACTG ACCCACGGGT CCAGGGTGCG CATGTAGCGG  
 301 TCGTCGGGCA GCGACGCGTC GCCGGTGGTC GGGTGCGCGG CCTCCCGCTT  
 351 GATCGGGATA TGCGTGTGTT CCGGCACGTA GAAGGTCGCA AACCCGTGGT  
 401 CGTCGGCAAG CTTGCGGGC GCAGCCGAG AGATGCCACG GTCGCTGGTG  
 451 AAAAGCACAA GCCCGTAATC CATGCAGTGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC  
 501 TGCGGGGCAA GCTGTGCTGA TACGGACCGT CTCGCCGCGC GGTGCTCTGC  
 551 GAAGCCCGCG GGCAAGCCAA TGGCGACGGC ACCGGCCGTC GCACGTGCGC  
 601 TAGCGTGGT GATCGACCGT GTCGCTCGCG CAGTGACGCG CCTGCAAGCA  
 651 CCGCGTCGCA TCGCAACCGT GGCGCCCGCT CGGCACTAAA AGGCAGTGGA  
 701 AGCAACA

*M. marinum* U2-U1 Length: 686 (SEQ ID NO 69)

This sequence is based on the sequence analysis of 6 different strains

1 TCGTAGGCGG CTTCTCCTG CGTCCACAGT CGCCCGCATC GCCTCGAGGT  
 51 ATTCACGCAA CATCGTGCGG CGCCGTCCGG GTGGAACGCC ATGGTCGGCG  
 101 AGTTGCTCGG TGTTCCAACC GAACCCACG CCGAGGCTGA CCCGTCCGCC  
 151 GGACAGATGA TCCAGCGTGG CAATGCTCTT GGCCAGGGTG ATCGGGTCAT  
 201 GCTCGACGGG CAGCGCCACC GCAGTCGACA GCCGTACCCG CGAGGTCACC  
 251 GCCGATGCCG CGCCCAAACCT CACCCAGGGG TCCAGCGTGC GCATATAACG



```

301 ATCGTCGGGA AGCGAGGAAT CGCCCGTCGT TGGATGAGCG GCTTCTCGCT
351 TGATTGGGAT ATGGGTGTGC TCAGGCACGT AGAAGGTGTG AAAGCCGTGG
401 TCGTCAGCGA GTCTCGCCGC CGCCGCCGGA GCGATGCCGC GGTCTGCTGGT
451 GAAAAGCACA AGCCCATAGT CCATAACAGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC
501 GGCCGGGCAA GCGCCCCCGG CGCCAATCGG CTCGGCGGGA TCGACGGAGG
551 TGATGGCGCT GGTCTGAGCGG GGGCAGGTCG CCGCGGCGCG AGCACC GGAA
601 CGTGCCTAG CGTGTTGTT CGAATCGCGT CGCAGGGACC AAGCGTCGCA
651 ATGCAGCAGC GCGCCGCGA CGGCGCGCAA GTAACA

```

*M. ulcerans* U2-U1 Length: 685 (SEQ ID NO 70)

13 different strains have been sequenced.

These strains from Zaïre, Mexico, Surinam, Japan, Benin, Australia, Togo show a strong identity but disclose point mutations. There is therefore a certain degree of variations within an otherwise conserved sequence.

Primers are identical to those of *M. marinum* (both strains are indeed highly similar). The bases which are underlined are mutated nucleotidic bases but the base shown here is the most frequent among the sequenced species

```

1 TCGTAGGCGG CTTCTCCTG CGTCCACAGC GCCCGCATCG CCTCGAGGTA
51 TTCACGCAAC ATCGTGCGGC GCCGTCCGGG TGGAACGCCA TGGTCGGCGA

```

Figure 3-continued

```

101 GTTCGTCGGT GTTCCAACCG AACCCACGC CGAGGCTGAC CCGTCCGCCG
151 GACAGATGAT CCAGCGTGGC AATGCTCTTG GCCAGGGTGA TCGGGTCATG
201 CTCGACGGGC AGCGCCACCG CAGTCGACAG CCGTACCCGC GAGGTCACCG
251 CCGATGCCGC GCCCAAATC ACCCAGGGGT CCAGCGTGCG CATATAACGA
301 TCGTCGGGAA GCGAGGAATC GCCCGTCGTT GGATGAGCGG CTTCTCGCTT
351 GATTGGGATA TGGGTGTGCT CAGGCACATA GAAGGTGTGA AAGCCGTGGT
401 CGTCAGCGAG TCTCGCCGCC GCCGCCGGAG CGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451 AAAAGCACAA GCCCATAGTC CATAACAGAA TTAGAACGTG TTCTACCTCG
501 GCCGGGCAAG CGCCCCCGC GCCAATCGGC TTGGCGGGAT CGACGGAGGT
551 GATGGCGCTG GTCGAGCGGG GGCAGGTCGC CGCGGCGCGA GCACCGGAAC
601 GTGCGCTAGC GTGTTGTTT GAATCGCGTC GCAGGGACCA AGCGTCGCAA
651 TGCAGCAGCG GCGCCGCGAC GGCGCGCAAG TAACA

```

*M. leprae* U2-U1 Length: 729 (SEQ ID NO 71)

```

1 TCATATAACG GCTTCATTCT TGTGTCCATA ATGCCTGCAT TGCTTCGAGG
51 CATTCTGACA CCATGGTGCG GCGCCGCCCC GATGGCACAT CGTGATCGGT
101 GAGCTCGTTG GTCTTCCAAC CGAACCCGAC GCCGAAGTTC ACTCACTCGC
151 CGGACAAATT ATCCAGGTTG ACAATACTTT TCGCAAGTGT GATTGGGTCA

```

201 TGTTAGACGG GCAGCGCCAC CACCATGAAC AGTCGTAGCC TGCCGATATA  
 251 ACCCGCATGT CGCGCCCAA CTTACCCATG AGTCATAGGT ACGCATCGCA  
 301 TATAGCTGTC GTCACTGGAC AGTGATACTC ATCCGTAACC AGGTAGTGGG  
 351 GTCTGAGTGG CAATGGCATA TGGGTGTGTT CGGGCACATA GAACTTGCGG  
 401 AAGCCGTGGC TCTCCGCAAG CTTGACTGCT GCCGCGGGG TGATGCCGCG  
 451 GTCGTTGGTT AAAAGCGCAA TCCCGTAGCC CATACCAAGA ATTTAGAGCG  
 501 TGTTCACCT GCGACGGCCA AGCGGTCGTG CCGACGATTT CGGCGTCCAT  
 551 CGGTGGTAGG CGAGCTGACA CGCAGGTCGT GCCGGCGCGG TCGCCCTAAC  
 601 GTGCGCTAGC GTTGATGATC GAATGCGCCG CAACGTAAGC GCTGCCAATT  
 651 TGGGCGTTTA TCCAACGGTG CGCATGGGAG CACAGCGTTG CACTGCAGCA  
 701 GTGGCGCCGT GACGGCACTG GAAATAACA

*M. nonchromogenicum* U4-U1 Length: 129 (SEQ ID NO 72)

1 GTTCCTGTTC GGCGGGCAAC GGGGGGTCC TTGTCGCGCA GTGTTGACCC  
 51 ACCGACTCGG CCCGCAAGTG CGCTAGCGTG GATGGTCGAA GCGCGCCGCA  
 101 CCGCCACCA GCGCCCTGCC ACAAGCACA

*M. scrofulaceum* U4-U1 Length: 219 (SEQ ID NO 73)

1 GTTCTACCTC CGGTGAGCAA GCTGCCGCCG CGGCGGCACG GATCGGCGTC  
 51 CAAGCCGGTC GCGACGGCAC GCCCGTCCCG AAGTGCCTA GCGTGTTGA  
 101 TCGATCGCGT CGCAACGCAA CCGCCGGGCA CGGCATTCGT GGAACGGCGC

**Figure 3-continued**

151 GCCCGCACGC ACAGCGCCGC GACGCAACTG TGGCGCCCGC AAAGGCACTT  
 201 CACGGCACTG GAAGCAACA

*M. triplex* U4-U1 Length: 116 (SEQ ID NO 74)

1 GTTCTACCTT GGTCCGCAAG CGGCGCGGGA ACGGCCCCGG CACCGGCTCC  
 51 CCGACGTGCG CTAGCGTGGT TGTTCAATC GCGTCGCAAC GCAAGCGCGG  
 101 CGAGCCTGGA AAAACA

**M. Paratuberculosis F57 sequence**

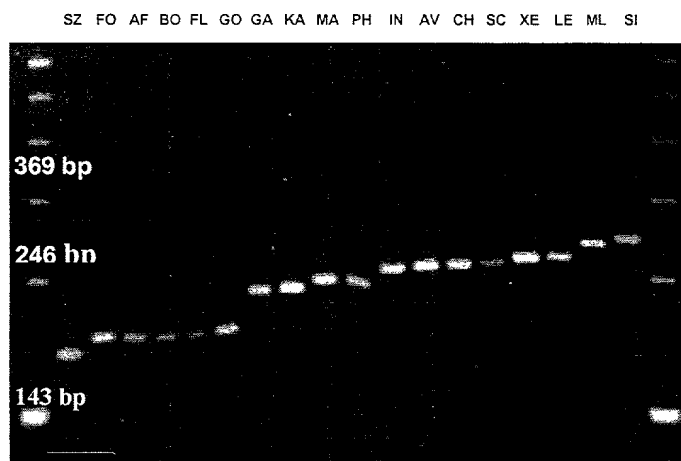
*M. paratuberculosis* F57b - MPT1 Length: 618 (SEQ ID NO 75)

1 GATCTCAGAC AGTGGCAGGT GGCGGCTCCG AAGCTGGCGT CAGCTATTGG  
 51 TGTACCGAAT GTTGTGTGCA CCGAGCCGGT CCCAGGTGTG TTCGAGTTGC  
 101 AGCTGAGAAT TGTCGATCCG CTTAGTTCGC CGCTTGAATG GTCGTCTGTG

151 CCAGCCGCCC ACTCGTGGTC TCTGAGTTTG GGTATCGATG AAATGGGCGT  
201 CTACCAGTCG CTCCCGTTGG CGAACGTATC GGGCGTTGTA GTGGGAGGCG  
251 TACCAGGGTC GGGGAAAACC GCGTGGCTGA CGAGTGCTCT GGGGTCGTTC  
301 GGTGCGTCAG CGGCGGTCCA GTTCGCTGTC ATCGACGGGA AGGGTGGTCA  
351 GGACTTGGA TGCCTGCGTG CTCGTAGCTG CCGATTCATG AATGACGATC  
401 TGGAGCTGCC TGAGATTGCA GCGATTCTGA ATGACGCGAC CGGTCTAGTC  
451 CGTGATCGAA TTAGACAGGG CAACAACATA TTCGGATCGT CCAACTTTTG  
501 GGATCGCGGC CCGACGCCGC AGGTTCCGCT GGTGTTCGTG GTGATTGACC  
601 GCTATCGGGG CCGAGATC

CGTTCGCTGTC

Figure 4. U1-U4 consensus amplification of *us-p34* regions of different mycobacterial species



*SZULGAI* : 163 pb

*FORTUITUM* : 177 pb

*AFRICANUM* : 178 pb

*BOVIS / TUB.* : 178 pb

*FLAVESCENS* : 178 pb

*GORDONAE* : 182 pb

*GASTRI* : 223 pb

*KANSASII* : 225 pb

*MARINUM* : 236 pb

*PHLEI* : 236 pb

*INTRACELLULARE* : 255 pb

*AVIUM / PARATUB.* : 257 pb

*CHELONAE* : 256 pb

*SCROFULACEUM* : 259 pb

*XENOPI* : 265 pb

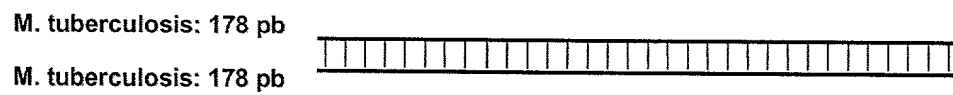
*LEPRAE* : 269 pb

*MALMOENSE* : 290 pb

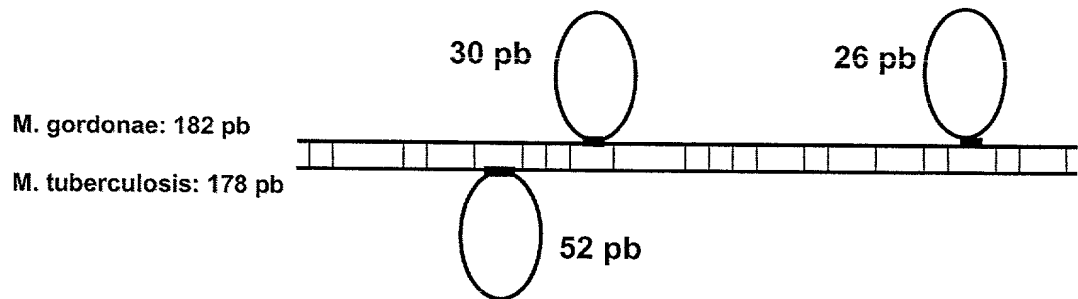
*SIMIAE* : 298 pb

Figure 5. Specific and non specific hybridization

Homologous hybridization between both 178-bp amplicons from *M. tuberculosis*



Deletion within each of both single strands hampers hybridization between the 182-bp amplicon from *M. gordonae* and the 178-bp amplicon from *M. tuberculosis*



Schematic representation of a deletion

b) Digoxigenin-labeled amplicons from *M. tuberculosis* (TB\*), *M. avium* (AV\*), *M. szulgai* (SZ\*), *M. kansasii* (KA\*), *M. xenopi* (XE\*) and *M. simiae* (SI\*) were hybridized on the nylon membrane. Specific differential hybridization is obtained.

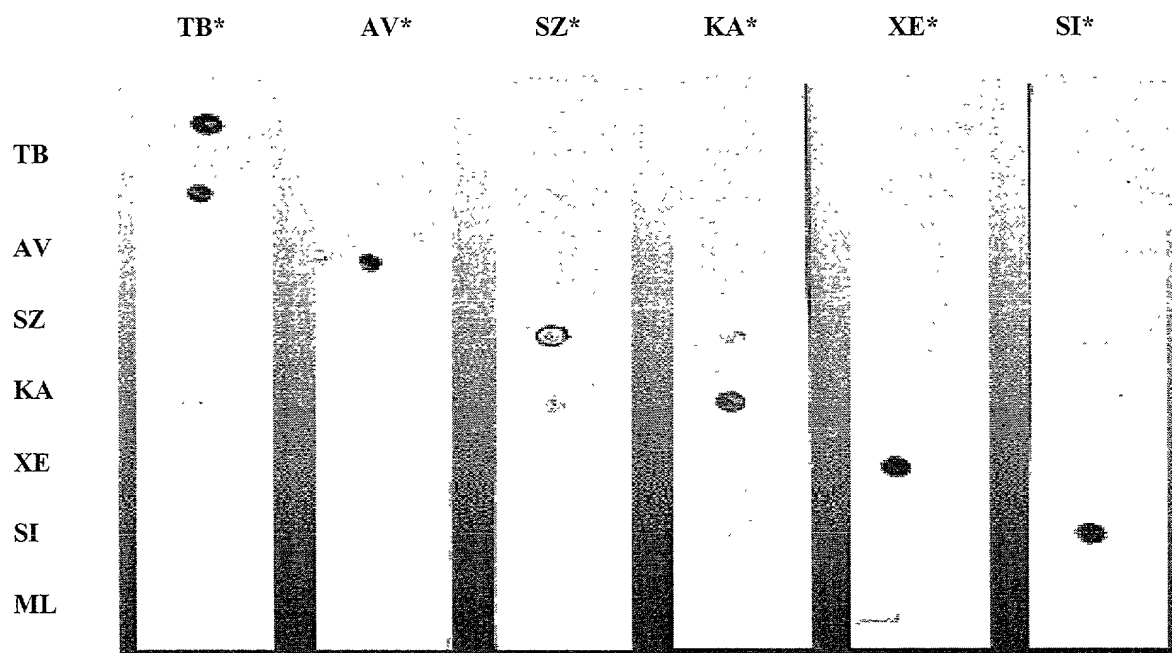
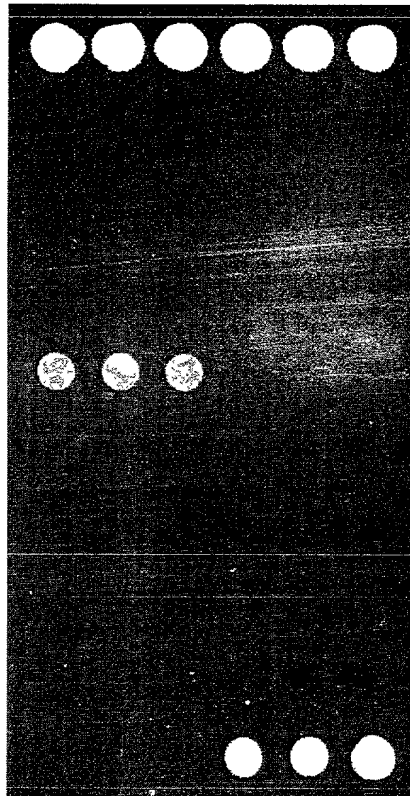


Figure 7. Example of biochips detecting specifically *M. gordonae*.

Control of fixation



Control of hybridization

**Figure 8.** Alignment of several *Mycobacterial* us-p34 sequences.

Parameters used for sequence alignment:

gap creation penalty = 5; gap extension penalty = 1

```

1                                     50
{mycAV21} tcgtag.ctg gcttcctcgt cggtccacag .cgc-cg-at c-cttccagg
{mycPT2Z} tcgtag.ctg gcttcctcgt cggtccacag .cgc-cg-at c-cttccagg
{mycML2Z} tcgtag.gcc gcttcctcct ggggccacag .cgc-cg-at t-cctcgatg
{mycSI2Z} tcgtat.tgg gcttcctcct gcgtccacag .cgc-cg-at g-cttccagg
{mycTB21} tcatag.cag gcctcctcct ggggccaca. acgc-cg-at c-cctcgagg
{mycBO2Z} tcatag.cag gcctcctcct ggggccaca. acgc-cg-at c-cctcgagg
{mycMA2Z} tcgtag.gcg gcttcctcct gcgtccacag tcgc-cg-at c-cctcgagg
{mycUL2Z} tcgtag.gcg gcttcctcct gcgtccacag .cgc-cg-at c-cctcgagg
{mycGA3Z} gtg..... -gc-gg c-ccccggcg
{mycKA31} gtg..... -gc-gg c-c.....
{mycGO31} gtg..... -ga-ga c-g.....
{mycSZ31} gtg..... -gg-gg c-c.....
{mycLE2Z} tcatataacg gcttcattct tgtgtccata atgc-tg-at t-cttccagg
Consensus -----C--C--G-----

```

```

51                                     100
{mycAV21} tattcgcgca gcatgggtgcg gcgcgggc-c -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycPT2Z} tattcgcgca gcatgggtgcg gcgcgggc-c -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycML2Z} tattcacgca gcatgggtgcg acggcgcc-g -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycSI2Z} tactcgcgca gcatgggtgcg ccggcgcg-c -gcg-c--gt tg--g--ggc
{mycTB21} tattcgcgca gcatgggtgcg gcggcgtc-g -gtg-c--ac ca--a--gac
{mycBO2Z} tattcgcgca gcatgggtgcg gcggcgtc-g -gtg-c--ac ca--a--gac
{mycMA2Z} tattcacgca acatcggtgcg gcgcggtc-g -gtg-a--gc ca--g--ggc
{mycUL2Z} tattcacgca acatcggtgcg gcgcggtc-g -gtg-a--gc ca--g--ggc
{mycGA3Z} gcacgccatg gtcggcgagt tcgtgcgc-c -gcg-c--gc ca--g--ggc
{mycKA31} .....g-c -gcg-c--gc ca--g--agc
{mycGO31} .....c-g -cca-c--gt ta--g--ggc
{mycSZ31} .....C-g -ccg-g--gc cg--a--agc
{mycLE2Z} cattcgtaga ccattgggtgcg gcgcggcc-g -atg-c--at cg--a--ggg
Consensus -----C- G---G-AC-- --TG-TC---

```

```

101                                    150
{mycAV21} g--t---c- --g---g- -g--c--g-- g--g-ggc-g --c-ggcccgc
{mycPT2Z} g--t---c- --g---g- -g--c--g-- g--g-ggc-g --c-ggcccgc
{mycML2Z} g--c---c- --g---g- -a--c--a-- g--g-ggc-g --c-ggcccgc
{mycSI2Z} c--t---c- --g---a- -g--c--g-- g--c-cac-g --c-gtccgcg
{mycTB21} g--c---c- --g---g- -g--c--g-- c--g-cgc-g --c-ggcccgt
{mycBO2Z} g--c---c- --g---g- -g--c--g-- c--g-cgc-g --c-ggcccgt
{mycMA2Z} g--t---c- --g---a- -g--c--c-- g--g-ggc-g --c-gtccgcg
{mycUL2Z} g--t---c- --g---a- -g--c--c-- g--g-ggc-g --c-gtccgcg
{mycGA3Z} g--t---c- --g---g- -g--t--g-- g--g-cgc-g --c-ggcccc
{mycKA31} g--t---c- --g---g- -g--t--g-- g--g-cgc-g --c-ggcccc
{mycGO31} g--c---c- --g---g- -g--c--g-- g--g-ggc-a --t-gcccgcg
{mycSZ31} g--c---c- --a---g- -g--g--g-- g--g-ggc-g --c-ggctgcg
{mycLE2Z} g--c---t- --c---a- -g--c--g-- g--g-agt-c --t-actcgcg

```



Consensus -AG-TCGT-G GT-TTCCA-C C-AA-CC-AC -CC-A---T- AC-C-----

Figure 8- continued

	151		200
{mycAV21}	cg--c-ga-g	g--a-ggg-g	g-a--a--t- -c--c-gc-- ---c--g--g
{mycPT2Z}	cg--c-ga-g	g--a-ggg-g	g-a--a--t- -c--c-gc-- ---c--g--g
{mycML2Z}	cg--c-gg-g	g--c-agg-g	g-a--a--t- -c--c-gc-- ---c--g--g
{mycSI2Z}	cg--c-ga-g	g--c-ggg-g	g-g--g--t- -c--c-gc-- ---c--g--g
{mycTB21}	gc--c-aa-g	a--c-gcg-c	g-a--g--t- -c--c-gc-- ---c--a--a
{mycBO2Z}	gc--c-aa-g	a--c-gcg-c	g-a--g--t- -c--c-gc-- ---c--a--a
{mycMA2Z}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a--g--c- -g--c-gg-- ---c--g--a
{mycUL2Z}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a--g--c- -g--c-gg-- ---c--g--a
{mycGA3Z}	cg--t-.g-g	g--c-gcg-g	g-a--g--t- -g--c-gc-- ---c--g--a
{mycKA31}	cg--t-gg-g	g--c-gcg-g	g-a--g--t- -g--c-gc-- ---c--g--a
{mycGO31}	cg--c-gg-g	a--c-gcg-g	g-g--g--t- -c--c-ag-- ---c--g--a
{mycSZ31}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a--g--t- -g--c-gc-- ---c--a--a
{mycLE2Z}	cg--c-aa-t	a--c-ggt-g	a-a--a--t- -c--a-gt-- ---t--g--a
Consensus	--GA-A--T-	-TC-A---T-	-C-AT-CT-T T-GC-A--GT GAT-GG-TC-

	201		250
{mycAV21}	--t-cg--cg	---gg--c--	cg-gg-ggac -gc-gc-cc- .-cgaggtg-
{mycPT2Z}	--t-cg--cg	---gg--c--	cg-gg-ggac -gc-gc-cc- .-cgaggtg-
{mycML2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-gg-agac -gc-gc-cc- .-cgacgtc-
{mycSI2Z}	--c-cg--gg	---gc--g--	cg-gg-ggac -gt-gc-cc- .-cgaggtg-
{mycTB21}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggca -gc-gg-tc- .-cgacgtc-
{mycBO2Z}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggca -gc-gg-tc- .-cgacgtc-
{mycMA2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-ag-cgac -gc-gt-cc- .-cgaggtc-
{mycUL2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-ag-cgac -gc-gt-cc- .-cgaggtc-
{mycGA3Z}	--c-cc--c.	---gc--a--	cg-gg-tgac -gc-tg-ct- .-ggaggtg-
{mycKA31}	--c-cg--cg	---ac--a--	cg-tg-tgac -gt-gg-cc- .-gaaggtg-
{mycGO31}	--c-cg--cg	---ac--g--	tg-cg-cgac -gc-gc-cc- .-cgacgtc-
{mycSZ31}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggac -ac-gg-cc- .-agacgtc-
{mycLE2Z}	--t-ag--gg	---gc--c--	ca-ca-gaac -gt-gt-gc- t-ccgatat-
Consensus	TG-T--AC--	GCA--GC-AC	--C--T---- A--C--A--C -G-----A

	251		300
{mycAV21}	cgg-acag-c	c--g----ga	--g-----c- gg--cagg-- .....g----
{mycPT2Z}	cgg-acag-c	c--g----ga	--g-----c- gg--cagg-- .....g----
{mycML2Z}	cgg-gcac-c	c--g----gg	--c-----c- gg--tagc-- .....g----
{mycSI2Z}	ccg-gcac-c	c--g----ga	--g-----c- gg--cagc-- .....g----
{mycTB21}	ccg-cgat-c	t--t----gg	--c-----c- gg--caac-- .....g----
{mycBO2Z}	ccg-cgat-c	t--t----gg	--c-----c- gg--caac-- .....g----
{mycMA2Z}	ccg-cgat-c	c--g----aa	--c-----g- gg--cagc-- .....g----
{mycUL2Z}	ccg-cgat-c	c--g----aa	--c-----g- gg--cagc-- .....g----
{mycGA3Z}	ccg-tgaa-c	c--a----ag	--c-----c- gg--cagg-- .....g----
{mycKA31}	ccg-tgaa-c	c--g----aa	--c-----c- gg--cagc-- .....g----
{mycGO31}	cag-acac-c	c--g----gg	--c-----g- ga--cagg-- .....g----

```

{mycSZ31} ccg-ggcc-c a--a----aa --c-----c gg--cagc-- .....g----
{mycLE2Z} acc-gcat-t c--g----aa --t-----t ag--atag-- acgcat----
Consensus ---C----G- -GC-CCCA-- CT-ACCCA-G --TC----GT -----CGCA

```

Figure 8- continued

```

301
{mycAV21} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.cgcgt- gccg-tggtc g-g-gcgcg-
{mycPT2Z} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.cgcgt- gccg-tggtc g-g-gcgcg-
{mycML2Z} -a--g-gg-- g--cggca-g c-a.cgcgc- accc-tcgtc g-a-gggcc-
{mycSI2Z} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.ttcgt- gccc-tcgtg g-a-gggcc-
{mycTB21} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.agcgt- accc-tcgtc g-a-gggcc-
{mycBO2Z} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.agcgt- accc-ccgtc g-a-gggcc-
{mycMA2Z} -a--a-ga-- g--ggga.-g c-a.ggaat- gccc-tcgtt g-a-gagcg-
{mycUL2Z} -a--a-ga-- g--ggga.-g c-a.ggaat- gccc-tcgtt g-a-gagcg-
{mycGA3Z} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.cgcgt- accc-tcgtg g-a-gggcg-
{mycKA31} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.cgcgt- accc-tcgtg g-a-.ggcg-
{mycGO31} -a--a-gg-- a--gggc.-g c-t.ctcgt- tccg-tggtg g-a-gagcc-
{mycSZ31} -g--g-gg-- a--gggc.-g c-a.cgcgt- actc-tagtg g-a-gggca-
{mycLE2Z} -a--g-tg-- g--actgg-c a-tgatact- atcc-taacc a-g-agtgg-
Consensus T-TA-C--TC -TC-----A- -G-----C ----G----- -G-T-----G

```

```

351
{mycAV21} cctccc-ctt g-tc--g--a --c-----t- -c--c--g-- g-agg-cgca
{mycPT2Z} cctccc-ctt g-tc--g--a --c-----t- -c--c--g-- g-agg-cgca
{mycML2Z} cctcgc-ctt g-cc--g--a --g-----t- -c--c--g-- g-acg-ctgg
{mycSI2Z} cctcgc-ctt g-tc--g--g --a-----t- -t--c--g-- g-acg-tgtg
{mycTB21} cctggc-ctt g-cc--g--g --g-----t- -g--c--g-- a-acg-gcga
{mycBO2Z} cctggc-ctt g-cc--g--g --g-----t- -g--c--g-- a-acg-gcga
{mycMA2Z} cttctc-ctt g-tt--g--a --g-----c- -a--c--g-- g-agg-gtga
{mycUL2Z} cttctc-ctt g-tt--g--a --g-----c- -a--c--a-- g-agg-gtga
{mycGA3Z} cttccc-ttt g-cc--g--a --c-----t- -g--c--g-- g-gag-gcga
{mycKA31} cctccc-ttt g-cc--g--g --c-----t- -g--c--g-- g-aag-gcga
{mycGO31} cctcgc-ttt g-tc--g--a --c-----t- -g--t--g-- g-agg-gtga
{mycSZ31} cctccc-ctt g-tc--g--g --g-----t- -a--c--g-- g-acg-ctga
{mycLE2Z} gtctga-tgg c-at--c--a --g-----t- -g--c--a-- g-act-gcgg
Consensus -----G--- -A--GG-AT- TG-GTGTG-T C-GG-AC-TA -A---T-----

```

```

401
{mycAV21} --c--g--gt cg--g--a-- ct-cg-g--c --a--c--a-- ag--g--a--
{mycPT2Z} --c--g--gt cg--g--a-- ct-cg-g--c --a--c--a-- ag--g--a--
{mycML2Z} --g--g--gt cg--g--a-- tt-gg-g--t --c--c--g-- ag--g--g--
{mycSI2Z} --g--a--gt cg--g--g-- tt-gg-c--g --c--c--g-- cg--g--c--
{mycTB21} --c--g--gc tt--a--a-- tc-gg-g--c --g--c--g-- tg--g--g--
{mycBO2Z} --c--g--gc tt--a--a-- tc-gg-g--c --g--c--g-- tg--g--g--
{mycMA2Z} --g--g--gt cg--a--g-- tc-cg-c--c --c--c--a-- cg--g--g--

```

```

{mycUL2Z} --g--g--gt cg--a--g-- tc-cg-c--c --c--c--a- cg--g--g--
{mycGA3Z} --g--a--gt cg--g--c-- tt-cg-g--t --c--c--g- ag--c--a--
{mycKA31} --g--a--gt cg--g--c-- tt-cg-g--t --c--g--a- aa--g--a--
{mycGO31} --a--a--tg tg--g--a-- tt-cg-t--t --c--a--g- aa--a--g--
{mycSZ31} --a--g--gt cg--g--c-- ct-tg-g--c --c--c--g- ca--g--g--
{mycLE2Z} --g--g--gc tc--c--a-- ct-ga-t--t --c--g--g- tg--g--g--
Consensus AA-CC-TG-- --TC-GC-AG --T--C-GC- GC-GC-GG-G --AT-CC-CG

```

Figure 8- continued

```

451
{mycAV21} g--gc---g --a--ca-a- gc-cg--atc ---gcagtg- a.-----a--
{mycPT2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-cg--atc ---gcagtg- a.-----a--
{mycML2Z} g--gc---g --a--ta-a- gc-cg--atc ---ggacag- a.-----a--
{mycSI2Z} a--ac---g --a--ca-g- gc-cg--atc ---gcacag- a.-----a--
{mycTB21} g--gc---g --c--ca-a- gt-cg--gtg ---gcaccg- a.-----a--
{mycBO2Z} g--gc---g --c--ca-a- gt-cg--gtg ---gcaccg- a.-----a--
{mycMA2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-ca--gtc ---.aacag- a.-----a--
{mycUL2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-ca--gtc ---.aacag- a.-----a--
{mycGA3Z} g--gc---g --a--ga-a- gc-cg--atc ---gaacag- a.-----a--
{mycKA31} g--gc---g --a--ga-a- gc-cg--atc ---gaacag- a.-----a--
{mycGO31} a--gc---g --c--aa-g- gg-tg--gtc ---gcccc- t.-----a--
{mycSZ31} a--gc---g --a--ta-a- gc-cg--atc ---gcaccg- a.-----a--
{mycLE2Z} g--gt---t --a--cg-a- tc-cg--gcc ---accaag- at-----g--
Consensus -TC--TGGT- AA-AG--C-A --C--TA--- CAT-----A --TTAGA-CG

```

```

501
{mycAV21} -----t--ct ct-cggggca agctgtcgtg atacggaccg tctcgcgcg
{mycPT2Z} -----t--ct ct-cggggca agctgtcgtg atacggaccg tctcgcgcg
{mycML2Z} -----t--cg gc-gtgggca agcgcgtgcg ccgcccagga tctcgactcg
{mycSI2Z} -----t--ct ct-tggagca agcggccccc gctacgtcga cccgcagacg
{mycTB21} -----c--ct gc-cggggca agcggcc... ..
{mycBO2Z} -----c--ct gc-cggggca agcggcc... ..
{mycMA2Z} -----t--ct cg-cggggca agcggccccc gcgccaatcg gctcggcggg
{mycUL2Z} -----t--ct cg-cggggca agcggccccc gcgccaatcg gcttggcggg
{mycGA3Z} -----t--ct cc-cggggca agcgggtcat ctgccga... tcggcagcgg
{mycKA31} -----t--ct ca-cggggca agcgggtcat ccgccgatcg tcggcagtgg
{mycGO31} -----t--tt tt-gccg... ..ca
{mycSZ31} -----t--.. ct-cgat... ..ga
{mycLE2Z} -----c--ct gc-acggcca agcgggtcgtg ccgacgattt cggcgtcc..
Consensus TGTTC-AC-- --G-----

```

```

551
{mycAV21} ..... .cggtcgtct ccgaagcccg cgggcaagcc aa-ggcgacg
{mycPT2Z} ..... .cggtcgtct gcgaagcccg cgggcaagcc aa-ggcgacg

```

{mycML2Z}	gaccacacaac	actgggtcggc	gccggggcgcg	ccgacaggtc	gg-cggccccg
{mycSI2Z}	ggccgctgag	ac.gatcgct	cctgggtcgcg	cctagggggcc	gg-cgctccc
{mycTB21}	.....	....gtccag	tcgttaatgt	cgcgagcgcc	gg-cgctccg
{mycBO2Z}	.....	....gtccag	tcgttaatgt	cgcgagcgcc	gg-cgctccg
{mycMA2Z}	atc....gac	ggaggtgatg	gcgctgggtcg	agcgggggca	gg-cgcccgcg
{mycUL2Z}	atc....gac	ggaggtgatg	gcgctgggtcg	agcgggggca	gg-cgcccgcg
{mycGA3Z}	.....	...tgccggg	gccgggtatcg	cgggcgggcaa	gg-cgcccacg
{mycKA31}	.....	...tgacggg	gccgggtatca	cggg.gggcaa	gg-cgcccacg
{mycGO31}	.....	...gccgacc	ccctgcggcg	acgggcacta	gt-gtcagag
{mycSZ31}	.....	...gcaagcg	gcccgggtcgg	ccgacgagca	gg-cggccccg
{mycLE2Z}	.....	....atcggt	ggtaggcgag	ctgacacgca	gg-cgtgccg
Consensus	-----	-----	-----	-----	--T-----

Figure 8- continued

	601				650
{mycAV21}	-caccggccg	tcgcac-tg-	-cta----g-	gtgat--acc	gtgtcgc...
{mycPT2Z}	-caccggccg	tcgcac-tg-	-cta----g-	gtgat--acc	gtgtcgc...
{mycML2Z}	-caggggccc	ccgaac-tg-	-cta----g-	gtgat--atc	gcgtcgcaac
{mycSI2Z}	-cgaccccg	tcgaac-tg-	-cta----g-	ttgat--gtc	gcg.cgtaac
{mycTB21}	-cagcggcac	ccgaac-tg-	-cta----g-	ttgat--a..	.....
{mycBO2Z}	-cagcggcac	ccgaac-tg-	-cta----g-	ttgat--a..	.....
{mycMA2Z}	-cgcgagcac	ccgaac-tg-	-cta----g-	ttggtt--a..	.....
{mycUL2Z}	-cgcgagcac	ccgaac-tg-	-cta----g-	ttggtt--a..	.....
{mycGA3Z}	-cgtgagtac	ccggcc-tg-	-cta----g-	gtcat--a..	.....
{mycKA31}	-cgcgagtac	caggcc-tg-	-cta----g-	gtcat--a..	.....
{mycGO31}	-tgcgctagc	gtgggtt-at-	-aat----c-	caggc--t..	.....
{mycSZ31}	-cgcgaccag	cagaac-tg-	-cta----g-	ttgat--a..	.....
{mycLE2Z}	-cgcggtcgc	cctaac-tg-	-cta----t-	atgat--aat	gcgcccgaac
Consensus	G-----	-----G--C	G---GCGT-G	-----CG---	-----

	651				700
{mycAV21}	.....	.....	....tcgcgc	agtgacgcgc	ctgcaagcac
{mycPT2Z}	.....	.....	....tcgcgc	agtgacgcgc	ctgcaagcac
{mycML2Z}	gcaagatctc	gaaggtgttt	tcaaaggcgg	cgcg....c	ctggaagtgc
{mycSI2Z}	gcaaaccgcg	gcacgcctg	gcgtcaccga	cgggagcgcc	ctgcagacac
{mycTB21}	.....	.....	.....	.atcgcgctcg	ccgggagcac
{mycBO2Z}	.....	.....	.....	.atcgcgctcg	ccgggagcac
{mycMA2Z}	.....	.....	.....	.atcgcgctcg	cagggacca.
{mycUL2Z}	.....	.....	.....	.atcgcgctcg	cagggacca.
{mycGA3Z}	.....	.....	.....	.....	.....at
{mycKA31}	.....	.....	.....	.....	.....at
{mycGO31}	.....	.....	.....	.....	.....ac
{mycSZ31}	.....	.....	.....	.....	.....gt
{mycLE2Z}	gtaagcgctg	cca.atttgg	gcgtttatcc	aacggtgcgc	atgggagcac
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

	701		750
{mycAV21}	c-cgtcgcat	cgcaac....	.cgtggcgcc cgctcggcac taaaaggcag
{mycPT2Z}	c-cgtcgcat	cgcaac....	.cgtggcgcc cgctcggcac taaaaggcag
{mycML2Z}	a-cgtcgcg	cgcaaatg	cgctcgc... ..tgagggtc ttgaaggcac
{mycSI2Z}	g-cgtcgcac	tgcagcagtg	acgtcgcgcc cgacgaggtc ttgaaggcac
{mycTB21}	a-cgtcgcac	tgcaccag..	.....
{mycBO2Z}	a-cgtcgcac	tgcaccag..	.....
{mycMA2Z}	a-cgtcgcaa	tgcagcagcg	gcgccgcgac ggcgc.....
{mycUL2Z}	a-cgtcgcaa	tgcagcagcg	gcgccgcgac ggcgc.....
{mycGA3Z}	t-tgtcgtag	ggagcaatcg	tcgcattgca gcaggcg.ta gcgacggcac
{mycKA31}	c-tgtcgtag	ggagcaatcg	tcgcattgca gcaggcg.ta gcgacggcac
{mycGO31}	c-cgtcgtgc	cgaagcagag	gggccgtgac ggcaccg...
{mycSZ31}	c-c.....	.....	gcaccggaaa gcaaccg...
{mycLE2Z}	a-cgttgtag	tgcagcagtg	gcgccgtgac .....ggcac
Consensus	-G-----	-----	-----

Figure 8- continued

	751		782
{mycAV21}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -t
{mycPT2Z}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -.
{mycML2Z}	tggaagcaat	a-----gcc	-----t -.
{mycSI2Z}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -.
{mycTB21}	.....	t-----gcc	-----t -g
{mycBO2Z}	.....	t-----gcc	-----t -.
{mycMA2Z}	.gcaagtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycUL2Z}	.gcaagtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycGA3Z}	cggaggtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycKA31}	tggaaggtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycGO31}	.gaagcaa.c	a-----ctt	-----c -g
{mycSZ31}	.gaagtaatc	a-----gcc	-----t -g
{mycLE2Z}	tggaataaac	a-----gcc	-----t -.
Consensus	-----	-GGAGGA---	ATGACCTAC- C-

**Figure 9.** Alignment of three Mycobacterial us-p34 sequences (*M. tuberculosis*, *M. avium* and *M. intracellulare*).

Parameters used for sequence alignment :

gap creation penalty = 5 ; gap extension penalty = 1

```

1                                     60
{mycTB21} tcatagcagg cctcctcttg ggtccacaac gcccgcatcg cctcgaggta ttcgcgcagc
{mycAV21} tcgtagctgg cttcctcgtc ggtccacagc gcccgcatcg cttccaggta ttcgcgcagc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

61                                     120
{mycTB21} atggtgcggc ggcgtccggg tggcacacca tgatcgacga gctcgtcggg gttccagccg
{mycAV21} atggtgcggc gccggcccgc cggcacgccg tggtcggcga gttcgtcggg gttccagccg
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

121                                     180
{mycTB21} aaccggaccc cgacgctgac ccggccgtgc gacaaatgat ccagcgtcgc aatgcttttc
{mycAV21} aaccggacgc cgaggctgac ccggccgccg gacagatggt caagggtggc aatacttttc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

181                                     240
{mycTB21} gccagcgtga tcggatcatg ctgcaccggc agcgccaccg cggtaggcaag ccggatccgc
{mycAV21} gccagcgtga tcgggtcgtg ttcgaccggc agggccaccg cggtaggacag ccgcacccgc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

241                                     300
{mycTB21} gacgtcaccg ccgatgctgc tcccaggctc acccacgggt ccaacgtcgc catatagcgg
{mycAV21} gaggtgacgg cacaggccgc gccagactg acccacgggt ccagggtcgc catgtagcgg
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

301                                     360
{mycTB21} tcgtccggca gcgaagcgtc acccgtcgtc ggatggggcg cctggcgctt gaccgggatg
{mycAV21} tcgtccggca gcgacgcgtc gccggtggtc gggcgcgcg cctcccgctt gatcgggata
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

361                                     420
{mycTB21} tgggtgtgtt cgggcacgta aaacgtgcga aaccctggc tttcagcaag tctggcggcc
{mycAV21} tgcgtgtgtt ccggcacgta gaaggtcgca aaccctggg cgtcggcaag cttcgcggcc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

421                                     480
{mycTB21} gcggccgggg tgatgccgcg gtcgctggtg aacagcacia gtccgtagtg catgcaccga
{mycAV21} gcagccggag agatgccacg gtcgctggtg aaaagcacia gcccgtaatc catgcagtga
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

481                                     540
{mycTB21} attagaacgt ---c---g c--c-g--- --ggcc--cc agtc-ttaa- g-----
{mycAV21} attagaacgt ---t---c t--g-g--- --tgct--ga tacg-accg- c---cgcgc
{mycIN4Z} ..... ---t---g t--t-a--- --tccg--ga tacc-accg- c---cggag
Consensus ----- GTTC-ACCT- -GC-G-GCAA GC---GT-- ---G---T -TCGC-----

541                                     600

```

	721
{mycTB21}	-----g
{mycAV21}	-----t
{mycIN4Z}	-----.
Consensus	CCTACTC-

**Figure 10.** Alignment of several pairs of Mycobacterial us-p34 sequences.

Parameters used for sequence alignment

gap creation penalty = 50 ; gap extension penalty = 3

**M. Tuberculosis x M. Xenopi**

Percent Similarity: 45.749 Percent Identity: 45.749

```

351 GACCGGGATGTGGGTGTGTTTCGGGCACGTAAAACGTGCGAAACCCGTGGC 400
      | | | | |
1 .....GTTACCCACC 11
401 TTTCAGCAAGTCTGGCGGCCGCGCCGGGGTGATGCCGCGGTCTGCTGGTG 450
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
12 GCGAGCAAGCGGCCCGGTAGAGCTGCGATGACACGCCAGTCGCCGCGA 61
451 AACAGCACAAAGTCCGTAGTGCATGCACCGAATTAGAACGTGTTCCACCTG 500
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
62 GACCCCCGCGCCAGGTGCGCTAGCGTGGATGGTCGAATCGCGTCGCAAC 111
501 CGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGCGAGCGCCGGTCGCTC 550
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
112 GCCTGCCCTGAC..AAGTCACGGCGTTAATGGAGCGGTCCACGCAGCGTC 159
551 CGGCAGCGGCACCCGAACGTGCGCTAGCGTGGTTGATCGAATCGCGTCGC 600
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
160 GCGCGGAAGC.....GGCGCCCTGGGGATACAGCGTCGCAACAC 198
601 CGGGAGCACAGCGTCGCACTGCACCACTGGAGGAGCCATGACCTACTCG 649
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
199 AGTGGCGCCCCAACGGCACTGATGCACAGGAGAAGCCATGACGTACTCG 247

```

**M. Tuberculosis x M. Gordonae**

Percent Similarity: 69.795 Percent Identity: 69.795

```

51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
1 .....GTGCGACGACGGCCGGCCAGCACGTTATGGTCGGCGA 37
101 GCTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
38 GCTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACCGAGGCTAACTCGCCGCGC 87
151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
88 GACAGGTGATCCAGCGTGGCGATGCTTTTCGCCAAGGTGATCGGGTCATG 137

```



Figure 10-continued

**M. Tuberculosis x M. Avium**

Percent Similarity: 77.504    Percent Identity: 77.504

```

1 TCATAGCAGGCCTCCTCTTGGGTCCACAACGCCCCGCATCGCCTCGAGGTA 50
  |||||
1 TCGTAGCTGGCTTCCTCGTCCGCTCCACAGCGCCCGCATCGCTTCCAGGTA 50
                                     .
51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100
51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGCCGGCCCGCGGCACGCCGTGGTTCGGCGGA 100

```

```

101 GCTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACCCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
101 GTTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACGCGAGGCTGACCCGGCCGCCG 150
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
151 GACAGATGGTCAAGGGTGGCAATACTTTTCGCCAGCGTGATCGGGTCGTG 200
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

```

Figure 10-continued

```

201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTCACCG 250
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
201 TTCGACCGGCAGGGCCACCGCGGTGGACAGCCGCACCCGCGAGGTGACGG 250
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
251 CACAGGCCGCGCCAGACTGACCCACGGGTCCAGGGTGCATGTAGCGG 300
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
301 TCGTCCGGCAGCGAAGCGTCACCCGTCGTCGGATGGGCGCCTGGCGCTT 350
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
301 TCGTCGGGCAGCGACGCGTCGCCGGTGGTTCGGGTGCGCGGCCTCCCGCTT 350
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
351 GACCGGGATGTGGGTGTGTTCCGGGCACGTAAAACGTGCGAAACCCGTGGC 400
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
351 GATCGGGATATGCGTGTGTTCCGGGCACGTAGAAGGTGCGAAACCCGTGGT 400
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
401 TTTCAAGCAAGTCTGGCGGCCGCGGCCGGGTGATGCCGCGGTCGCTGGTG 450
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
401 CGTCGGCAAGCTTCGCGGCCGCGAGAGATGCCACGGTCGCTGGTG 450
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
451 AACAGCACAAGTCCGTAGTGCATGCACCGAATTAGAACGTGTTCCACCTG 500
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
451 AAAAGCACAAGCCCGTAATCCATGCAGTGAATTAGAACGTGTTCTACCTC 500
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
501 CGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGC..... 535
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
501 TGCGGGGCAAGCTGTCGTGATACGGACCGTCTCGCCGCGCGGTGCTCTCC 550
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
536 .....GAGCGCCGGTCGCTCCGGCAGCGGCACCCGAACGTGCGC 574
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
551 GAAGCCCGCGGGCAAGCCAATGGCGACGGCACCGGCCGTGCGACGTGCGC 600
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
575 TAGCGTGGTTGATCG.....AATCGCGTCGCCGGGAGCA 608
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
601 TAGCGTGGGTGATCGACCGTGTGCTCGCGCAGTGACGCGCCTGCAAGCA 650
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
609 CAGCGTCGCACTGCACCGTGGAGGAGCCATGACCTACTCG..... 649
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
651 CCGCGTCGCATCGCAACCGTGGCGCCCGCTCGGCACTAAAAGGCAGTGGA 700
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

```

**M. Tuberculosis x M. Intracellulare**

Percent Similarity: 43.220 Percent Identity: 43.220

51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100  
 1 .....GTTCTACCTGTGCTGAGC 18  
 101 GCTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150  
 19 AAGCTCCGGTGATACCGACCGTCTCGCCGAGGGCCGCCGGGGCCCTCGC 68  
 151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200  
 69 CGCCCAAGACAGTGGCGGCGCCACCGGTTCCCGCACGTGCGC.TAGCGTG 117

Figure 10-continued

201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTCACCG 250  
 118 GGTGATCGACCGCG...TCGCAATGCGGTGACGCGCCTGCAAGCACAGCG 164  
 251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300  
 165 TCGCATCGCCACCGCGGCGCCCGCTCGGCACTTAAAGGCACTGGTAGCAA 214  
 301 TCGTCCGGCAGCGAAGCGTCAACCGTCGTCGGATGGGCCGCTGGCGCTT 350  
 215 CAGGAGGAGCCATGACCTACTC..... 236

**M. Tuberculosis x M. Simiae**

Percent Similarity: 75.655 Percent Identity: 75.655

1 TCATAGCAGGCCTCCTCTTGGGTCCACAACGCCCGCATCGCCTCGAGGTA 50  
 1 TCGTATTGGGCTTCTTCTGCGTCCACAGCGCCCGCATGGCTTCCAGGTA 50  
 51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100  
 51 CTCGCGCAGCATGGTCCGCGGCGCGCCGGCGGACGTTGTGGTTCGGCCA 100  
 101 GCTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150  
 101 GTTCGTCGGTGTTCGAACCGAACCCGACGCCACACTGACCCGTCCGCCG 150  
 151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200  
 151 GACAGATGGTCCAGGGTGGCGATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGGTCGTG 200  
 201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTCACCG 250  
 201 CTCGACGGGCAGCGCGACCGCGGTGGACAGTCGCACCCGCGAGGTGACCG 250  
 251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300

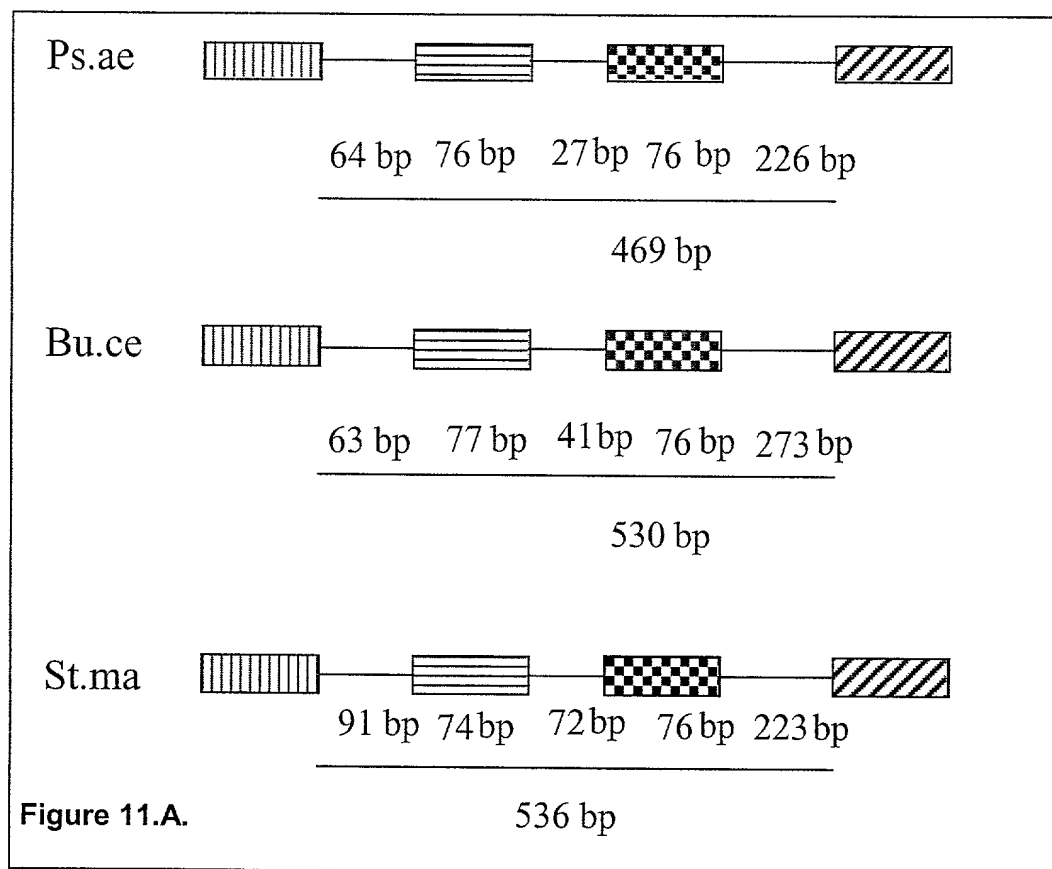
Figure 10-continued

```

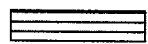
501 CGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGCGA..... 537
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
501 TGTGGAGCAAGCGGCCCCCGCTACGTCGACCCGCAGACGGGCGCGTGAGA 550
    .
538 .....GCGCCGGTCGCTCCGGCAGCGGCACCC 564
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
551 CGATCGCTCCTGGTTCGCGCCTAGGGGCGCGGTCGCTCCCGCGCACCCGCTC 600
    .
565 GAACGTGCGCTAGCGTGTTGATCGAATCGCGTCGCCGGGAGCACAGCGT 614
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
601 GAACGTGCGCTAGCGTGTTGATCGGTTCGCGCGTAACGCAAACGCGGGCA 650
    .
615 CGCACTG...CACCAGTGGAGGAGCCATGACCTACTCG..... 649
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
651 CGCCCTGGCGCTACCGACGGGCGAGCCCTGCAGACACGGCGTCGCACTGC 700

```

**Figure 11A.** Organisation of the *rmn* operon of *Pseudomonas aeruginosa* (Ps. Ae), *Burkholderia cepacia* (Bu. ce) and *Stenotrophomonas maltophilia* (St. ma).



= RNA 16S (3' end)



= tRNA Isoleucine



= tRNA Alanine



= tRNA 23S (5' end)

**Figure 11B.** Comparison of the sequences flanking the regions encoding 16S and 23S RNA from *Pseudomonas aeruginosa* (Ps. Ae) (SEQ ID NO 76), *Burkholderia cepacia* (Bu. ce) (SEQ ID NO 77). CNS (consensus).

	1		60	
Bu.ce.	-----	-----tta--	-----g--	-----a--
Ps.ae.	-----	-----gct--	-----a--	-----g--
CNS	GCCCGTCACA	CCATGGGAGT	GGGTT---CC	AGAAGT-GCT AGTCTAACCG CAAGG-GGAC
	61		120	
Bu.ce.	---c-----	-tag-----	-----	-----tc---g
Ps.ae.	---t-----	-agt-----	-----	-----gg---c
CNS	GGT-ACCACG	G---GATTCA	TGACTGGGGT	GAAGTCGTAA CAAGGTAGCC GTA--GGAA-
	121		180	16S
Bu.ce.	g-----	-----tcca-gct	-----a--	aagt-g---g -t---g-tt-
Ps.ae.	c-----	-----aatc--aga	-----a--tt	ttca-a---t -c---a-ga-
CNS	-TGCGGCTGG	ATCACCTCCT	T-----GA---	TCTC-GC--C ----T-AGC- C-CAC-C--A
	181		240	
Bu.ce.	-cg---gt-a	attaaa-ac-	---tcag---	-----c----- -a-cgt-t
Ps.ae.	-.t---tg-t	tcactg-tt-	---gatt---	-----t----- -g-acc-c
CNS	T--GCT--A-	-----G--A	GAC---GGG	TCTGTAGCTC AGT-GGTIAG AGC-C---C-
	241		300	tRNA
Bu.ce.	-----cg	-g---ttg	-----c	aa----- -t-gtc- -gc---aaca
Ps.ae.	-----t	-a---gca	-----t	gc----- -a.... -tt---gtgc
CNS	TGATAAGG-	G-GGTCG-	GTTCAATC-	--CCAGACCC ACCA-T---T G--GGT---
	301		360	
Bu.ce.	ca-c---gg-	a-atctg---	atg---g---	-----a-- -----a
Ps.ae.	tg-g---tc-	g-.....	-----c---	-----g-- -----c
CNS	--C-TGA--C	-A-----TAC	---GGG-CAT	AGCTCAGCTG GGAGAGC-CC TGCTTTGCA-
	361		420	tRNA-ala
Bu.ce.	-----gtcg	-----cgtc--c	-----a--	-acc---gct --gggc-t-g
Ps.ae.	-----a	agga-----	-----tcct-g	-----taaa--- -c-t
CNS	GCAGG-GGTC	---GTTCGA	TCC---TG-	CTCCACC-AT C---AAC--- AA---T-G-
	421		480	
Bu.ce.	ttc-ga-a-t	---cc--gaa	---ttgc-t--	gcg-----gc cag--a-agg a-at--a---
Ps.ae.	cga-ag-t-a	---at--atg	---cgtg-a--	aac----- .tt--t-gtc t-tg--c---
CNS	---A--C-C-	GAA--GA---	TT---A-TG	---ATTGA-- ---TC-G--- -T--CA-CAG
	481		540	
Bu.ce.	-tatcgg-g	tc-----	-c---ct--a	agaa---a-- aatttg--- gcg---cgt
Ps.ae.	-----a	-----	-a---tc--	-----t-- -----
CNS	A-----CT-	--GTTCTTTA	A-AAT--GG-	---GTA-GT -----GATA ---GAAG---
	541		600	
Bu.ce.	ct-g---tg-	-cg--ga-a-	-a-cggg-t	-----tg-a- -g-tgt-tct c--g--ga-t
Ps.ae.	..a---ct-	..a---t-	-c-ttcac-g	-----ca-- -a-gtc-agg t--a--t-g
CNS	--T-AGA--G	A-TG--A-C	T-T-----T-	GTGAT--T-T C-A---A--- -AA-AT--T-
	601		660	
Bu.ce.	---ac--t--	-ttt-actc-	---ggaa-a-	---ac--c-c ga-aac---a cc-g---g-
Ps.ae.	---gt---	-cgc-----	-----t-	---g--t- tc-tct---c ag-a---c-
CNS	CGA--TC-AA	G---G---A	ATT-----T-C	GGC--AA-G- --G---TCA- --T-TAAC-A
	661		720	23S
Bu.ce.	---ca-ac..	c-----g--	-----c---c	---t---gt -----
Ps.ae.	---tt-ct-gg	g-----t--	-----t--g	---c---ac -----
CNS	GA--G--T--	-GTTATA-GG	TCAAG-GAA-	AAG-GCAT-- GGTGGATGCC TTGGCRRTCA

**Figure 12.** Discrimination by multiplex PCR.

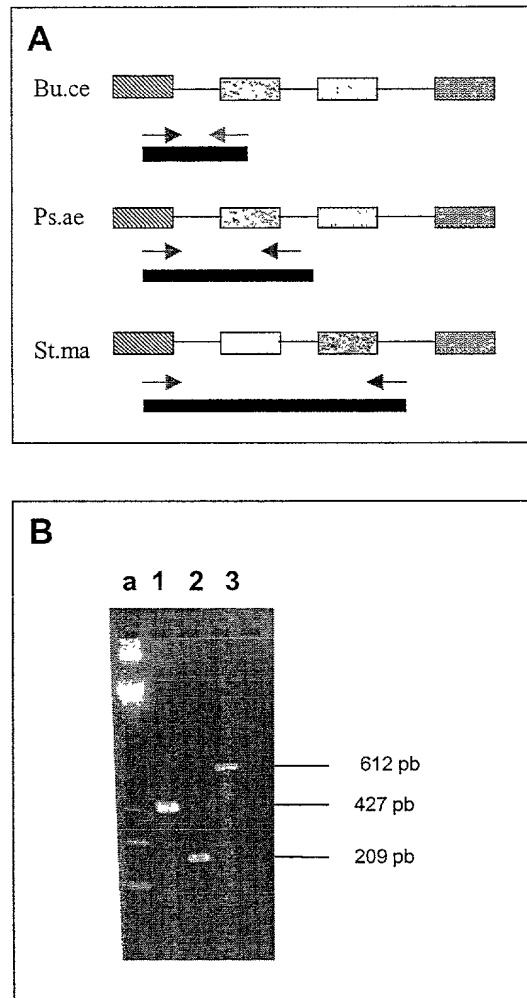
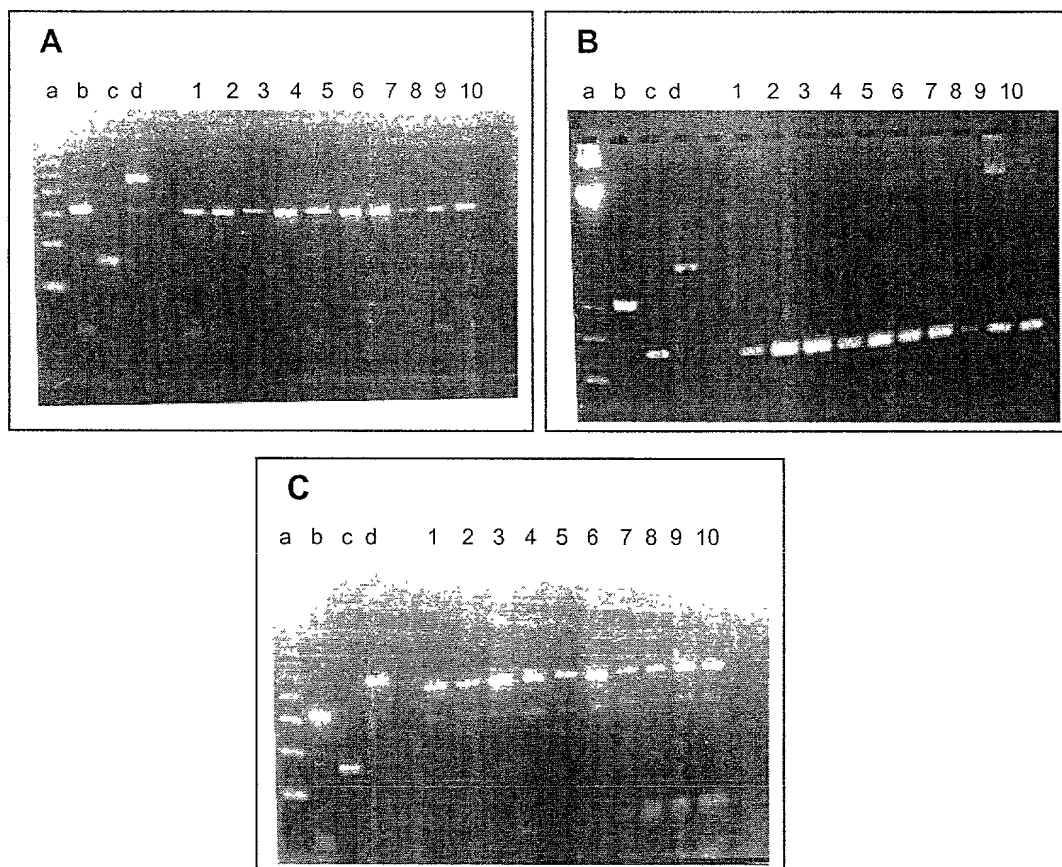
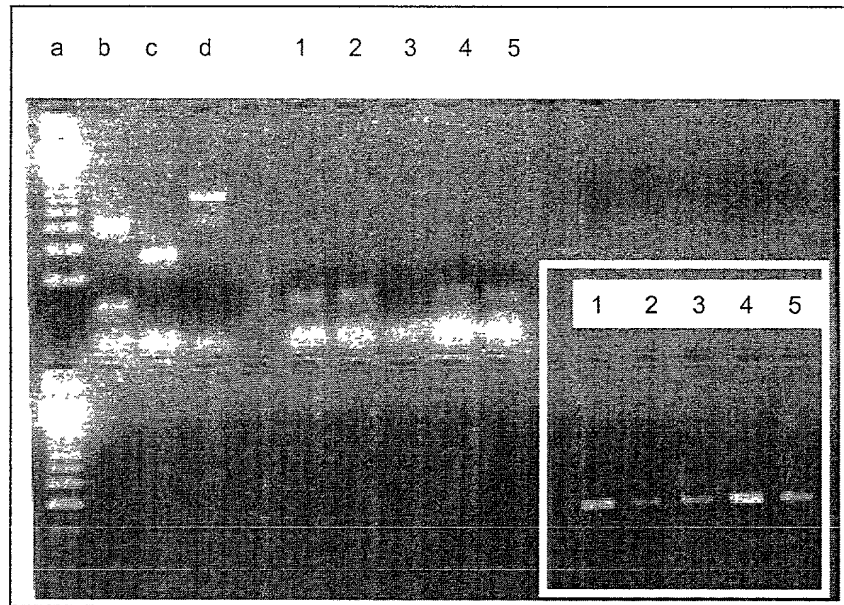


Figure 13. Multiplex PCR sensibility validation

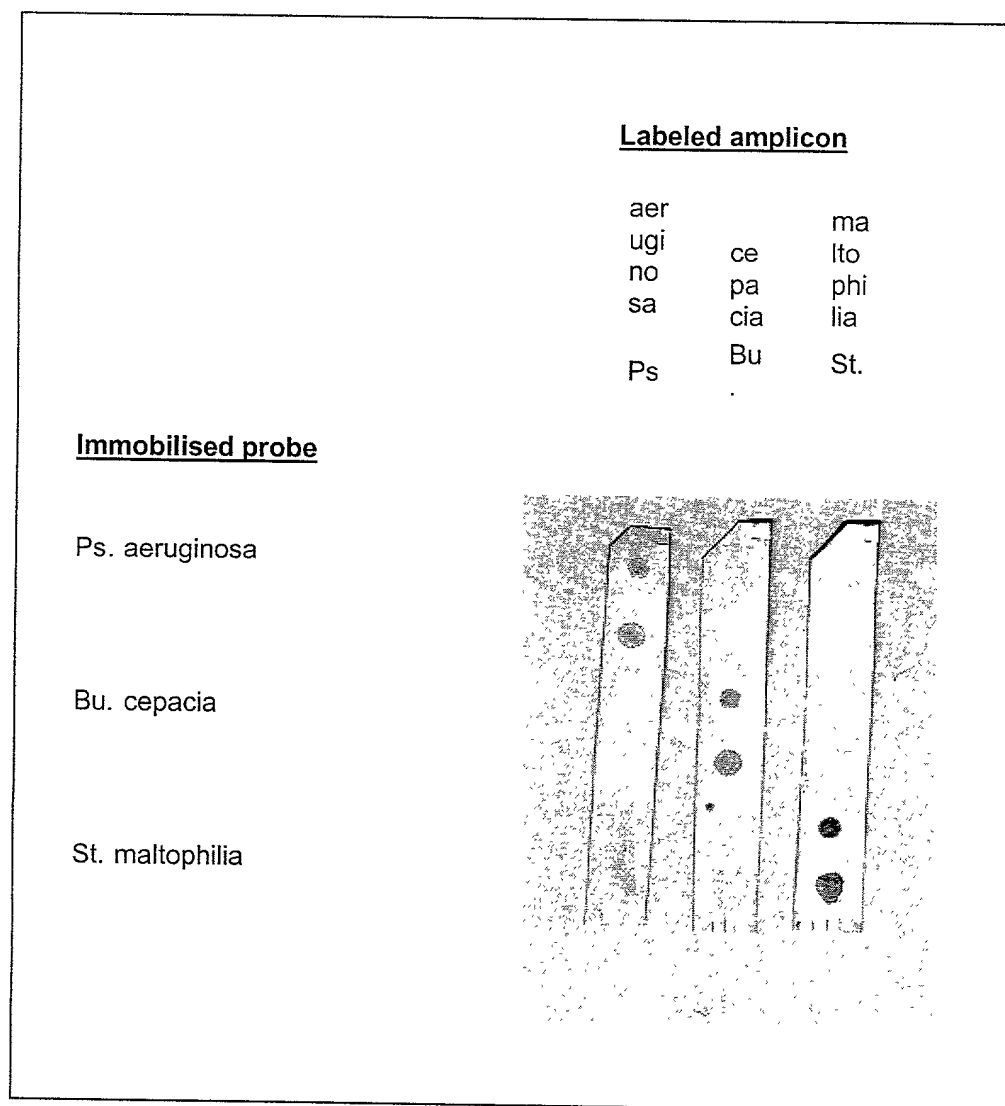




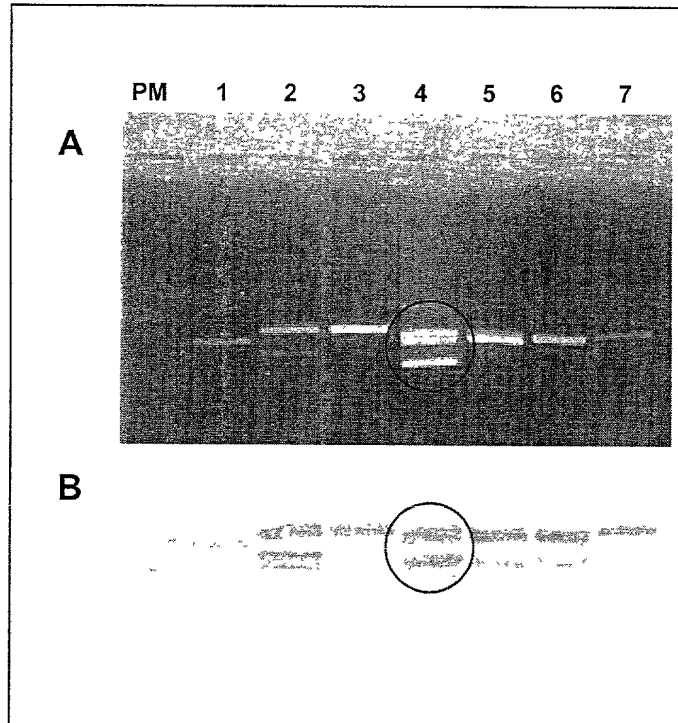
**Figure 14.** Multiplex PCR specificity validation



**Figure 15.** Reverse hybridisation for the discrimination between *Ps. aeruginosa*, *Bu. cepacia* and *St. maltophilia*



**Figure 16.** Visualization of the second *rm* operon from *Ps. putida*



**Figure 17.** Alignment of the two *rm* operon sequences from *Ps. putida*. First (top) sequence is SEQ ID NO 78, second (bottom) sequence is SEQ ID NO 79.

```

5  GGGTTCCCCGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGAGGACGGTTACCACGGT 54
1  GGTTCACCAGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGAGGACGGTTACCACGGT 50
55 GTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCT 104
51 GTGATTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCT 100
105 GCGGCTGGATCACCTCCTTAATCGACGACATCAGCCTGCTGATGAGCTCC 154
101 GCGGCTGGATCACCTCCTTAATCGACGACATCAGCCTGCTGATGAGCTCC 150
155 CACACGAATTGCTTGATTCTTGTCTGAAGACGATCAAGACCCTATATG 204
151 CACACGAATTGCTTGATTCTTGTAAAAGACGATCAAGGCCTTGTGCAGG 200
205 TCTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCACCCCTGATAAGGGTGAGGTCCGCA 254
255 GTTCAAATCTGCCAGACCTACCTATATGCGGGGCCATAGCTCAGCTGGG 304
305 AGAGCGCCTGCCTTGACGAGGAGGTGAGCGGTTTCGATCCCGCTTGGCT 354
355 CCACCACTCGCTTTACTTGATCAGAACTTAGAAATGAACATTCGTTGATG 404
201 CCTCGCGTTGTTCTGATCAGAACTTGGAATGAGCATTGCT.TCG 246
405 AATGTTGATTTCTGACTTTTGTCTGATCGTTCTTTAAAAATTTCGGATATG 454
247 AATGTTGATTTCTGGCTTTTGTCTGATCGTTCTTTAAAAATTTCGGATATG 296
455 TGATAGAAATAGACTGAACACCAGTTTCACTGCTGGTGGATCAGGCTAAG 504
297 TGATAGAAATAGACTGAACACCAGTTTCACTGCTGGTGGATCAGGCTAAG 346
505 GTAAAATTTGTGAGTTCTGCTCGAAAGAGCAACGTGCGAATTTTCGGCGA 554
347 GTAAAATTTGTGAGTTCTGCTCGAAAGAGCAACGTGCGAATTTTCGGCGA 396
555 ATGTCGTCTTCACAGTATAACCAGATTGCTTGGGGTTATATGGTCAAGTG 604
397 ATGTCGTCTTCACAGTATAACCAGATTGCTTGGGGTTATATGGTCAAGTG 446

```

204400 " 544400 "

**Figure 18.** Alignment and consensus sequence between *Pseudomonas aeruginosa* (ps.msf{padfc}), *Burkholderia cepacia* (ps.msf{pcdfg}) and *Stenotrophomonas maltophilia* (ps.msf{xmdfa}).

5		1	60
	ps.msf{padfc}	----- gg--gct-- ----ta-c- --tc-----g caa--g--a-	
	ps.msf{pcdfg}	----- gg--tta-- ----tg-c- --tc-----g caa--a--a-	
	ps.msf{xmdfa}	----- tt--gca-- ----ca-g- --ct-----t tcg--a--g-	
10	Consensus	<u>GCCCGTCACA CCATGGGAGT</u> --GTT--CC AGAAG--G-T AG--TAACC- ---GG-GG-C	
		61	120
	ps.msf{padfc}	-g-tac---- -agtgatcc- ----- ---gg----c	
	ps.msf{pcdfg}	-g-cac---- -taggatcc- ----- ---tc----g	
15	ps.msf{xmdfa}	-c-t.g---- -t.gctgcg- ----- ---tc----g	
	Consensus	G-T--CACG G-----A TGA CTGGGGT GAAGTCGTAA CAAGGTAGCC GTA--GGAA-	
		121	180
	ps.msf{padfc}	c----- -aatc...a gatct-ag-t t-ttcataa- -tccca-a-g	
20	ps.msf{pcdfg}	g----- -tcca...g cttct-.g-. a-aagttga- -gctca-g-t	
	ps.msf{xmdfa}	g----- -ttga-ca-a gacag-at-g t-ctgtcgg- -gtctt-a-a	
	Consensus	-TGGCGCTGG ATCACCTCCT T---G--A- ----C--C- -C-----G C-----C-C-	
		181	240
25	ps.msf{padfc}	a-t.tg--tg -ttcactggt t..ag--gat tg--t-tg-a gctc---tgg --aga-cg-a	
	ps.msf{pcdfg}	t-tcgg-- <u>gt</u> - <u>aattaaaga</u> <u>c..ag--tca</u> <u>gg</u> --t-tg-a gctc---cgg --aga-ca-c	
	ps.msf{xmdfa}	a-gtac--gc -ttcagagaa tcaca--ggc ca--c-ga-g tgag---ccc --ttg-gc-t	
	Consensus	-A---CT-- A----- ----AC-- --GG-C--T- ----AGT-- TT--G--C-	
		241	300
30	ps.msf{padfc}	cccc-g-taa --.t-a-gt- ggcag--cg- -t-tgcccag ac-caccaat ...t-ttg-t	
	ps.msf{pcdfg}	gtct-g-taa --cg-g-gt- gttgg--cg- -t-caaccag ac-caccatt gtct-gcg-t	
	ps.msf{xmdfa}	tagc-c-gct --ga-a-ca- ctgct--gc- -g-aggggtc gt-ggttcga tccc-aca-	
	Consensus	----T-A-- GG--G-G--C ----TT--A A-C----- --C----- ----G---G-	
35		301	360
	ps.msf{padfc}	gtgctg-g-- atccga.... -...g-g c-a-ag-tc- -ct-gga-ag -gc-tgct-t	
	ps.msf{pcdfg}	aacaca-c-- aggc aaatct g--atgg-g g-a-ag-tc- -ct-gga-ag -ac-tgct-t	
	ps.msf{xmdfa}	ctccac-a-- ttcgagctgt a--cgaa-t c-c-tt-ga- -.a-ccc-ca -at-catg-g	
40	Consensus	-----C-TG ----- -TAC---G- -C-T--C--A G--G---G-- C--C----T-	
		361	420
	ps.msf{padfc}	gc-cgcagga ggtcaggag- ---atc-tcc t-gg---cac c.a- <u>ctaaaa</u> -...aa....	
	ps.msf{pcdfg}	gc-agcagg. ggtcgctcg- ---atc-cgt c-gc---cac caa-caccaa -gctaagggc	
45	ps.msf{xmdfa}	ct-ctttttg aaaaagcct- ---ggt-tg. .ag---agg tgg-tagacg -accctgata	
	Consensus	--A----- -T----- TCG---C--- -T--CTC--- --T----- C-----	
		421	480
	ps.msf{padfc}	<u>tc-tcgaaag</u> -tcagaaat- -atg-.tcgt g-atgaac-- -ga...tttc t-gtctttg-	
50	ps.msf{pcdfg}	tt-gttcaga -actgaacc- -gaa..tttg c-ttgggcg-- -gagccagtc a-aggatat-	
	ps.msf{xmdfa}	ag-gtgaggt -ggtagttc- -gtc-accga g-cccacc-- -.ctctgaa t-acgcata-	
	Consensus	--G----- C-----G A--T----- -A-----AT T----- -G-----C	
		481	540
55	ps.msf{padfc}	-cca--.... .ac...gtt -t-t-aa-a- tc--....g tat--.... .g-t...-a	
	ps.msf{pcdfg}	-aca--tatc ggc-gtcggt -t-t-ac-a- ct--aagaag taa--aatTT gg-t-gcg-a	
	ps.msf{xmdfa}	-ttc--tct. ...-tatacg -a-c-gc-c- gt--ctggta cgt--tcttt ta-a-ctt-t	
	Consensus	A--GA---- -T----- C-T-A--A-T --GG----- --GT----- --A-A--G-	

204720-244200T

Figure 18 -continued

```

5      541                                     600
      ps.msf{padfc} ag.....ta- -actga.atg ..at--c-tt cactg--ga- cat.tca-gt caaggt-aa.
      ps.msf{pcdfg} agcgtcttg- -atggacgtg gaaa--a-cc ggggtt--ga- tgtatcg-tg tatctc-ag.
      ps.msf{xmdfa} gacgtagcg- -cgtttgaga tggtt--a-ca gacgt--cg- gaggcta-gg cgagag-cgc
      Consensus  -----A G----- -CT-T-- -GT--T -A-- -A--
10

      601                                     660
15    ps.msf{padfc} -t.ttg-.ga gt-c.aa-cg cg....a--- ....t--- -.gaatg.tc gtcttcacag
      ps.msf{pcdfg} -tgatt-.ga ac-ctaa-tt tgactca--- ggaa-a--- -acaacgcga gaactcaacc
      ps.msf{xmdfa} -agtct-ttt at-gatt-ag tcgttat--- cgta-c-g-- -ttgtaccc cggggtcgtg
      Consensus  A-----C--- -T---G-- -ATT -T-C-GG C-----
20

      661                                     720
      ps.msf{padfc} -a---c..- -attgct-gg g-----t-- ----t---g ---c---tac -----
      ps.msf{pcdfg} -g---g..- -acagac-- c-----g-- ----c---c ---t---tgt -----
      ps.msf{xmdfa} -g---cca- -gcaact-gc g-----t-- ----c---t ---c---cac -----
      Consensus  T-TAAC---A G-----T-- -GTTATA-GG TCAAG-GAA- AAG-GCA--- GGTGGATGCC
25

      721                                     737
      ps.msf{padfc} -----
      ps.msf{pcdfg} -----
      ps.msf{xmdfa} -----
30    Consensus  TTGGCRRTCA SAGGCGA

```

204720-944007

**Figure 19.** Alignment between *Pseudomonas aeruginosa* (ps.msf{padfc}) (SEQ ID NO 80), *Burkholderia cepacia* (ps.msf{pcdfg}) (SEQ ID NO 81) and *Stenotrophomonas maltophilia* (ps.msf{xmdfa}) (SEQ ID NO 82), as in Figure 18 but without consensus sequence.

```

5      Symbol comparison table: GenRunData:pileupdna.cmp  CompCheck: 6876

      GapWeight: 1
      GapLengthWeight: 1

10     ps.msf  MSF: 737  Type: N
      Name: padfc      Len:   737  Check: 1233  Weight:  1.00
      Name: pcdfg      Len:   737  Check:   773  Weight:  1.00
      Name: xmdfa      Len:   737  Check: 3019  Weight:  1.00

15     //

      1                                           50
      padfc  GCCCCGTCACA CCATGGGAGT GGGTTGCTCC AGAAGTAGCT AGTCTAACCG
      pcdfg  GCCCCGTCACA CCATGGGAGT GGGTTTTTACC AGAAGTGGCT AGTCTAACCG
20     xmdfa  GCCCCGTCACA CCATGGGAGT TTGTTGCACC AGAAGCAGGT AGCTTAACCT

      51                                           100
      padfc  CAAGGGGGAC GGTTACCACG GAGTGATTCA TGA CTGGGGT GAAGTCGTAA
      pcdfg  CAAGGAGGAC GGTCAACACG GTAGGATTCA TGA CTGGGGT GAAGTCGTAA
25     xmdfa  TCGGGAGGGC GCTT.GCACG GT.GCTGCGA TGA CTGGGGT GAAGTCGTAA

      101                                          150
      padfc  CAAGGTAGCC GTAGGGGAAC CTGCGGCTGG ATCACCTCCT TAATCG..AA
      pcdfg  CAAGGTAGCC GTATCGGAAG GTGCGGCTGG ATCACCTCCT TTCCAG..AG
30     xmdfa  CAAGGTAGCC GTATCGGAAG GTGCGGCTGG ATCACCTCCT TTTGAGCAAA

      151                                          200
      padfc  GATCTCAGCT TCTTCATAAG CTCCCACACG AAT.TGCTTG ATTCACTGGT
      pcdfg  CTTCTC.GC. ACAAGTTGAG CGCTCACGCT TATCGGCTGT AAATTAAAGA
35     xmdfa  GACAGCATCG TCCTGTCTGGG CGTCTTCACA AAGTACCTGC ATTCAAGAA

      201                                          250
      padfc  T..AGACGAT TGGGTCTGTA GCTCAGTTGG TTAGAGCGCA CCCCTGATAA
      pcdfg  C..AGACTCA GGGGTCTGTA GCTCAGTCGG TTAGAGCACC GTCTTGATAA
40     xmdfa  TCACAACGGC CAGGCCGATG TGAGAGTCCC TTTTGGGCCT TAGCTCAGCT

      251                                          300
      padfc  GG.TGAGGTC GGCAGTTCGA ATCTGCCCAG ACCCACC AAT ...TGTTGGT
      pcdfg  GGC GGGGGTC GTTGTTTCGA ATCCAACCAG ACCCACCATT GTCTGGCGGT
45     xmdfa  GGGAGAGCAC CTGCTTTGCA AGCAGGGGTC GTCGGTTCGA TCCCGACAG.

      301                                          350
      padfc  GTGCTGCGTG ATCCGA.... .TAC...GGG CCATAGCTCA GCTGGGAGAG
      pcdfg  AACACACCTG AGGCAAATCT GTACATGGGG GCATAGCTCA GCTGGGAGAG
50     xmdfa  CTCCACCATG TTCGAGCTGT ATACCGAAGT CCCTTTTCGAA G.AGCCCCGA

      351                                          400
      padfc  CGCCTGCTTT GCACGCAGGA GGTCAAGAGT TCGATCCTCC TTGGCTCCAC
      pcdfg  CACCTGCTTT GCAAGCAGG. GGTGTCGGT TCGATCCCGT CTGCCTCCAC
55     xmdfa  CATCCATGTG CTACTTTTTG AAAAAGCCTT TCGGGTCTG. .TAGCTCAGG

```

20074466-004402

401 450  
padfc C.ATCTAAAA C...AA.... TCGTCGAAAG CTCAGAAATG AATGT.TCGT  
pcdfg CAATCACCAA CGCTAAGGGC TTGGTTCAGA CACTGAACCG AGAAT.TTTG  
xmdfa TGGTTAGACG CACCCTGATA AGGGTGAGGT CGGTAGTTCG AGTCTACCCA

5

451 500  
padfc GAATGAACAT TGA...TTTC TGGTCTTTGC ACCAGA.... .ACT...GTT  
pcdfg CATTGGCGAT TGAGCCAGTC AGAGGATATC AACAGATATC GGCTGTTCGTT  
xmdfa GACCCACCAT T..CTCTGAA TGACGCATAC ATTCGATCT. ...TTATACG

10

501 550  
padfc CTTTAAAAAT TCGG.....G TATGT..... .GATA...GA AG.....TAA  
pcdfg CTTTAACAAT CTGGAAGAAG TAAGTAATTT GGATAGCGGA AGCGTCTTGA  
xmdfa CATCAGCACT GTGGCTGGTA CGTGTCTTTT TAAAACTTGT GACGTAGCGA

15

551 600  
padfc GACTGA.ATG ..ATCTCTTT CACTGGTGAT CAT.TCAAGT CAAGGTAAA.  
pcdfg GATGGACGTG GAAACTATCC GGGTTGTGAT TGTATCGATG TATCTCAAG.  
xmdfa GCGTTTGAGA TGTTCATCA GACGTGTCGT GAGGCTAAGG CGAGAGACGC

20

601 650  
padfc AT.TTGC.GA GTTC.AAGCG CG....AATT ....TTC.GG C.GAATG.TC  
pcdfg ATGATTC.GA ACTCTAAGTT TGACTCAATT GGAATAC.GG CACAACGCGA  
xmdfa AAGTCTCTTT ATTGATTGAG TCGTTATATT CGTATCCGGG CTTTGTACCC

25

651 700  
padfc GTCTTCACAG TATAACC..A GATTGCTTGG GGTATATATGG TCAAGTGAAG  
pcdfg GAACTCAACC TGTAACG..A GACAGACT.. CGTTATAGGG TCAAGCGAAC  
xmdfa CCGGGTCGTG TGTAACCCAA GGCAACTTGC GGTATATATGG TCAAGCGAAT

30

701 737  
padfc AAGCGCATAC GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA  
pcdfg AAGTGCATGT GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA  
xmdfa AAGCGCACAC GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA

35

2044220 3444400